

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICH NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/47669
			(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00908		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).	
(22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99)		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(30) Prioritätsdaten: 198 13 839.3 20. März 1998 (20.03.98) DE			
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).			
(72) Erfinder; und			
(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißenberg (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS			
(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGEBWE			
(57) Abstract			
<p>The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.</p>			
(57) Zusammenfassung			
<p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>			
<p>A.. NORMAL TISSUE 50.000 INDIVIDUAL ESTs B.. TUMOR TISSUE 50.000 INDIVIDUAL ESTs C.. PRIORITY LIST HIGH PROSTATE BREAST OVARY BLADDER UTERUS LOW D.. ITERATIVE ASSEMBLING WITH INCREASING MISMATCH E.. UNSPECIFICALLY EXPRESSED GENES F.. GENES OF INTEREST</p>			

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

20

25

30 Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

35

40

45

50 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengfaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte

gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15,

10 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

25

oder

30

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2 bis Seq. ID No. 67 sowie Seq. ID No. 149 bis Seq. ID. 161 und Seq ID. 201 -202, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 hybridisieren.

50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

5

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

10

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 15

162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

15

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 20

183-185, 187, 190, 192-198 kodiert werden.

20

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

25

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

30

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

35

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

40

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 enthalten.

45

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161, sowie deren Verwendung

zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer 10 vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzung n

	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
5	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %
30		

Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1**Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen**

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

30

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2**Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25 **2.1.1**

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

30 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen..

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0102	0.0000 undef
		Brust 0.0053	0.0458	0.1165 8.5843
		Eierstock 0.0030	0.0338	0.0899 11.1243
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843
	Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601 1.1626
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855 3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281 35.6161
	Prostata	0.0048	0.0043	1.1186 0.8939
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0228		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0057		
55	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0128		
60	Sinnesorgane	0.0000		

2.1.2.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft „macrophage migration inhibition factor related protein 14(MRP-14)“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

10	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
	Blase 0.0093	0.1508	0.0616	16.2223		
	Brust 0.0013	0.0392	0.0340	29.4320		
	Eierstock 0.0152	0.0000	undef	0.0000		
15	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698	1.4930		
	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642	0.2729		
	Gehirn 0.0051	0.0055	0.9289	1.0765		
	Haematopoetisch 0.0993	0.0000	undef	0.0000		
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000		
20	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef		
	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000		
	Lunge 0.0261	0.0307	0.8508	1.1753		
	Magen-Speiseroehre 0.1062	0.0230	4.6197	0.2165		
25	Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9517	1.0508		
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef		
	Pankreas 0.0114	0.0000	undef	0.0000		
	Penis 0.1258	0.1600	0.7862	1.2720		
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef		
30	Uterus 0.0826	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie 0.0036					
	Duenndarm 0.0000					
	Prostata-Hyperplasie 0.0000					
	Samenblase 0.0178					
35	Sinnesorgane 0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1018					

40	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0062	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0037	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
	Eierstock-Uterus 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0052	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0057	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0410	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0449	
65	Sinnesorgane 0.0000	

2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

5

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. Das Ergebnis ist wie folgt:

10 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
15	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998		
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458		
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958		
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187		
	Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177		
20	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267		
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000		
25	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000		
	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373		
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000		
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513		
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879		
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088		
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duenndarm	0.0031					
35	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefaesse	0.0041					
	Lunge	0.0111					
	Niere	0.0000					
50	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
55	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0064					
	Gastrointestinal	0.0244					
60	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0156					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0030					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

5

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
10	Blase	0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
	Brust	0.0067	0.0174	0.3822 2.6162
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233 4.4791
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281
	Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964 0.3230
15	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000
20	Lunge	0.0137	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138 1.4010
	Niere	0.0030	0.0342	0.0868 11.5165
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143 1.9446
25	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797 3.5758
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246 0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenn darm	0.0093		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		

35

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0092
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0079
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Niere 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock-Uterus 0.0091
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
55	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0227
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
60	Nerven 0.0291
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5		Blase 0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
		Brust 0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
		Eierstock 0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
10	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
		Gehirn 0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0348	0.0000	undef	0.0000
15		Hepatisch 0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
		Herz 0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
		Hoden 0.0122	0.0000	undef	0.0000
		Lunge 0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
20	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
		Niere 0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
		Pankreas 0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
		Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
25		Uterus 0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
		Duenndarm 0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
		Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
			FOETUS %Haeufigkeit		
35			Entwicklung 0.0000		
			Gastrointenstinal 0.0154		
			Gehirn 0.0125		
			Haematopoetisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0123			
			Lunge 0.0111		
			Niere 0.0124		
			Prostata 0.0499		
			Sinnesorgane 0.0000		
45				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
				Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
		Foetal 0.0076			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0259			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0000			
		Nerven 0.0090			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust 0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
10	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn 0.0076	0.0033	2.3223	0.4306
15	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0099	0.0129	0.7651	1.3069
	Herz 0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pancreas 0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata 0.0167	0.0128	1.3051	0.7662
	Uterus 0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
30	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0249			
45	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0023			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	_Foetal 0.0047			
	Gastrointestinal 0.0122			
55	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
60	Prostata 0.0256			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
	Brust 0.0147	0.0261	0.5606	1.7838
	Eierstock 0.0182	0.0234	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0456	0.0245	1.8605	0.5375
	Gastrointestinal 0.0233	0.0190	1.2214	0.8187
	Gehirn 0.0314	0.0230	1.3639	0.7332
	Haematopoetisch 0.0196	0.0378	0.5175	1.9325
	Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0050	0.0388	0.1275	7.8416
	Herz 0.0328	0.0275	1.1947	0.8371
	Hoden 0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
	Lunge 0.0149	0.0284	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0460	0.4200	2.3811
20	Muskel-Skelett 0.0223	0.0480	0.4639	2.1554
	Niere 0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas 0.0246	0.0055	4.4569	0.2244
	Penis 0.0449	0.0267	1.6846	0.5936
	Prostata 0.0167	0.0383	0.4350	2.2987
25	Uterus 0.0231	0.0214	1.0831	0.9233
	Brust-Hyperplasie 0.0109			
	Duenndarm 0.0125			
	Prostata-Hyperplasie 0.0357			
	Samenblase 0.0356			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0165			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointenstinal 0.0247			
	Gehirn 0.0375			
	Haematopoetisch 0.0118			
	Herz-Blutgefaesse 0.0204			
40	Lunge 0.0296			
	Niere 0.0185			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0279			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
	Eierstock-Uterus 0.0068			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
50	Foetal 0.0093			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0097			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0082			
55	Nerven 0.0100			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5					
10		Blase 0.0139	0.0281	0.4959	2.0163
		Brust 0.0080	0.0414	0.1931	5.1778
		Eierstock 0.0122	0.0260	0.4674	2.1393
15		Endokrines_Gewebe 0.0274	0.0354	0.7728	1.2940
		Gastrointestinal 0.0252	0.0333	0.7561	1.3226
		Gehirn 0.0237	0.0175	1.3547	0.7382
20		Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0149	0.1693	0.0881	11.3508
		Hepatisch 0.0149	0.0129	1.1477	0.8713
		Herz 0.0381	0.0412	0.9249	1.0812
		Hoden 0.0183	0.0000	undef	0.0000
		Lunge 0.0174	0.0615	0.2836	3.5259
25		Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0383	0.2520	3.9685
		Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
		Niere 0.0208	0.0548	0.3799	2.6323
		Pankreas 0.0284	0.0000	undef	0.0000
		Penis 0.0180	0.1066	0.1685	5.9360
30		Prostata 0.0119	0.0213	0.5593	1.7879
		Uterus 0.0116	0.0285	0.4061	2.4622
		Brust-Hyperplasie 0.0109			
		Duenndarm 0.0374			
		Prostata-Hyperplasie 0.0386			
		Samenblase 0.0356			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0113			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0307			
		Gastrointenstinal 0.0216			
		Gehirn 0.0188			
40		Haematopoetisch 0.0079			
		Herz-Blutgefaesse 0.0245			
		Lunge 0.0259			
		Niere 0.0062			
		Prostata 0.0748			
45		Sinnesorgane 0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50		Brust 0.0068			
		Eierstock-Uterus 0.0205			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0233			
		Gastrointestinal 0.0366			
55		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0615			
		Hoden 0.0078			
		Lunge 0.0164			
		Nerven 0.0181			
60		Prostata 0.0192			
		Sinnesorgane 0.0387			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0046	0.0128	0.3637 2.7495
		Brust 0.0053	0.0218	0.2446 4.0878
		Eierstock 0.0122	0.0026	4.6745 0.2139
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349 2.9861
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784 0.2233
	Gehirn 0.0051	0.0000	undef 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000	
	Haut 0.0348	0.0000	undef 0.0000	
15	Hepatisch 0.0297	0.0000	undef 0.0000	
	Herz 0.0064	0.0137	0.4624 2.1624	
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef	
	Lunge 0.0324	0.0189	1.7118 0.5842	
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef	
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000	
	Niere 0.0357	0.0000	undef 0.0000	
	Pankreas 0.0208	0.0000	undef 0.0000	
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef	
	Prostata 0.0214	0.0085	2.5169 0.3973	
25	Uterus 0.0050	0.0000	undef 0.0000	
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0178			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0062
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0039	
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041
	Lunge 0.0148	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal 0.0058	
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0256
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0139	0.0179	0.7793 1.2831
		Brust 0.0133	0.0414	0.3219 3.1067
		Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10		Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0027	2.6791 0.3733
		Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
		Gehirn 0.0093	0.0153	0.6082 1.6441
		Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
		Haut 0.0199	0.0000	undef 0.0000
15		Hepatisch 0.0050	0.0129	0.3826 2.6139
		Herz 0.0085	0.0137	0.6166 1.6218
		Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
		Lunge 0.0237	0.0213	1.1120 0.8993
		Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
20		Muskel-Skelett 0.0103	0.0180	0.5710 1.7513
		Niere 0.0030	0.0479	0.0620 16.1231
		Pankreas 0.0038	0.0221	0.1714 5.8337
		Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
		Prostata 0.0071	0.0085	0.8390 1.1919
25		Uterus 0.0050	0.0214	0.2321 4.3088
		Brust-Hyperplasie 0.0182		
		Duenndarm 0.0062		
		Prostata-Hyperplasie 0.0000		
		Samenblase 0.0089		
30		Sinnesorgane 0.0000		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0331		
				FOETUS
				%Haeufigkeit
35		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0031		
		Gehirn 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0000		
40		Herz-Blutgefaesse 0.0000		
		Lunge 0.0000		
		Niere 0.0000		
		Prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0000		
45				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
				%Haeufigkeit
		Brust 0.0340		
50		Eierstock-Uterus 0.0023		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0006		
		Gastrointestinal 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0057		
55		Haut-Muskel 0.0032		
		Hoden 0.0000		
		Lunge 0.0656		
		Nerven 0.0030		
		Prostata 0.0000		
60		Sinnesorgane 0.0387		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0093	0.0026	3.6370 0.2750
		Brust 0.0160	0.0545	0.2936 3.4065
		Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791 1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163 0.8958
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0021	0.0275	0.0771 12.9744
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475 2.2349
25	Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0218		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0238		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0125		
	Haematopoetisch	0.0039		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0074		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0046		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0041		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
55	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0070		
	Prostata	0.0128		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
	Brust 0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
	Eierstock 0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
10	Endokrines_Gewebe 0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
	Gastrointestinal 0.0271	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz 0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
	Hoden 0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge 0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas 0.0038	0.0166	0.2286	4.3753
	Penis 0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
25	Uterus 0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenn darm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0149			
	Samenblase 0.0534			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointestinal 0.0308			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0039			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0082			
	Lunge 0.0370			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0204			
	Eierstock-Uterus 0.0114			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0285			
55	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0110			
	Prostata 0.0128			
60	Sinnesorgane 0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0261	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597	3.8507
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953	1.0047
	Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0165	0.7524	1.3290
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0524	0.0341	1.5381	0.6501
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
			FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointenstinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
40	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0705			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock 0.0000	0.0234	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0381	0.1435	6.9675
	Gastrointestinal 0.0058	0.0143	0.4071	2.4562
	Gehirn 0.0076	0.0066	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
25	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0187			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0356			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0123			
	Gehirn 0.0188			
	Haematopoetisch 0.0118			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0123			
	Lunge 0.0185			
	Niere 0.0124			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0140			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0068			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0064			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0057			
55	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0312			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0128			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497	
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954	
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337	4.2786	
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499	0.3509	
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000	
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137	
	Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798	0.2646	
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9680	
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470	
25	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0000				
	Duenndarm	0.0125				
	Prostata-Hyperplasie	0.0000				
	Samenblase	0.0089				
30	Sinnesorgane	0.0118				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
	FOETUS					
35	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointenstinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0039				
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000				
	Lunge	0.0074				
	Niere	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
50	Eierstock-Uterus	0.0000				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0057				
55	Haut-Muskel	0.0000				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0000				
	Prostata	0.0000				
60	Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359 7.3580
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1461 6.8457
10	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0109	1.6745 0.5972
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0051	0.0099	0.5161 1.9377
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046 0.7120
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1406 0.3184
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
	Prostata 0.0191	0.0106	1.7898 0.5587
25	Uterus 0.0116	0.0071	1.6246 0.6155
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0154
	Gastrointenstinal 0.0062
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
40	Herz-Blutgefaesse 0.0245
	Lunge 0.0074
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0136
50	Eierstock-Uterus 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0456
55	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0078
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0064
60	Sinnesorgane 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
	Eierstock 0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
	Gastrointestinal 0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
	Gehirn 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
25	Uterus 0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0436			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0247			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0205			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0052			
	Gastrointestinal 0.0366			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0321			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0182	0.0078	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0164	0.0245	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0213	0.0190	1.1196	0.8932
	Gehirn	0.0144	0.0186	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0248	0.0065	3.8257	0.2614
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0428	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0199	0.0165	1.2039	0.8306
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
	Uterus	0.0132	0.0142	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
40	Lunge	0.0111
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
55	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0385
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0067	0.0261	0.2548	3.9243
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0042	0.0137	0.3083	3.2436
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
50	Eierstock-Uterus 0.0046			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0228			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust 0.0093	0.0218	0.4281	2.3359
	Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch 0.0126	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
15	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0112	0.0024	4.7404	0.2110
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0537	0.1800	5.5559
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere 0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata 0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
25	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenn darm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0092			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0157			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0114			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0029			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0114			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0000			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust 0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
	Gehirn 0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0597	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge 0.0012	0.0095	0.1317	7.5943
20	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0143	0.0213	0.6712	1.4899
	Uterus 0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointenstinal 0.0031			
	Gehirn 0.0250			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0245			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0185			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0136			
50	Eierstock-Uterus 0.0297			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0222			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0077			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust 0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock 0.0152	0.0234	0.6492	1.5403
10	Endokrines_Gewebe 0.0146	0.0327	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal 0.0291	0.0095	3.0535	0.3275
	Gehirn 0.0203	0.0252	0.8078	1.2380
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0137	0.0118	1.1588	0.8630
15	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett 0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
	Niere 0.0327	0.0411	0.7960	1.2563
	Pankreas 0.0114	0.0221	0.5143	1.9446
20	Penis 0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0286	0.0234	1.2203	0.8195
	Uterus 0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0187			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0122			
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0154			
35	Gehirn 0.0313			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefaesse 0.0368			
	Lunge 0.0111			
	Niere 0.0124			
40	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
45	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0228			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0035			
50	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0171			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0156			
	Lunge 0.0246			
55	Nerven 0.0090			
	Prostata 0.0192			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn 0.0102	0.0077	1.3270	0.7536
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0240	0.1428	7.0051
	Niere 0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000	undef
25	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenn darm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0031			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0111			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0040			
	Prostata 0.0000			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust 0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0175	0.2419	4.1338
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0064	0.0412	0.1541	6.4872
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428	7.0051
	Niere 0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata 0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
25	Uterus 0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0250			
	Haematopoetisch 0.0197			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0185			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0558			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068			
50	Eierstock-Uterus 0.0091			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0102	0.0000 undef
		Brust 0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
		Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465 2.2395
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0307	0.0829 12.0569
	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000 undef
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779 0.5960
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0197		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204		
50	Eierstock-Uterus	0.0023		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0023		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0114		
55	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0128		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0153	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0436	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0182	0.0130	1.4023	0.7131
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0191	0.3827	2.6128
	Gastrointestinal	0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0237	0.0449	0.5287	1.8916
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0254	0.0550	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0224	0.0165	1.3544	0.7383
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0114	0.0387	0.2939	3.4030
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0214	0.0128	1.6779	0.5960
25	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0305			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.1537
	Gastrointestinal	0.0401
	Gehirn	0.1126
	Haematopoetisch	0.0472
40	Herz-Blutgefaesse	0.0164
	Lunge	0.0481
	Niere	0.0247
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.1954

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0544
50	Eierstock-Uterus	0.0320
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0636
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0057
55	Haut-Muskel	0.1328
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0191
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0263	0.0110	2.3997	0.4167
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0275	0.2312	4.3248
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0112	0.0047	2.3702	0.4219
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0031			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0231			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Notarbrief für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0204			
50	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
55	Sinnesorgane	0.0155			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock 0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
	Gastrointestinal 0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
	Gehirn 0.0068	0.0066	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0248	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0095	0.3950	2.5314
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere 0.0149	0.0068	2.1708	0.4607
	Pankreas 0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
25	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
		FOETUS		
35		%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068			
50	Eierstock-Uterus 0.0091			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0111			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0057			
55	Haut-Muskel 0.0453			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0100			
	Prostata 0.0128			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0051	0.0011	4.6446	0.2153
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
25	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0031			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0114			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0017			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750	3.6368
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125	1.4035
	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0535	0.0473	1.1324	0.8831
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0767	0.8819	1.1339
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570	0.4861
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0128	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0249			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			
		FOETUS %Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointenstinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock 0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
25	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenn darm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0124			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0046			
	Endokrines_Gewebe 0.0490			
	Foetal 0.0029			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0131			
	Prostata 0.0000			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust 0.0053	0.0283	0.1882	5.3141
10	Eierstock 0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
	Endokrines_Gewebe 0.0347	0.0300	1.1569	0.8644
	Gastrointestinal 0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0153	0.0131	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
15	Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz 0.0127	0.0137	0.9249	1.0812
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge 0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
20	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0533	0.0562	17.8081
25	Prostata 0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
	Uterus 0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0125			
	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0235			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0031			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0079			
	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0111			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
45	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0068			
	Eierstock-Uterus 0.0274			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0204			
	Gastrointestinal 0.0244			
55	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0421			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0151			
60	Prostata 0.0256			
	Sinnesorgane 0.0542			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0087	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186 0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0117		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0070		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust	0.0040	0.0218	0.1835 5.4504
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107 1.6375
	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0185		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0006		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0228		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0053	0.0109	0.4893	2.0439
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0048	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0340			
50	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0146			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0181			
	Prostata 0.0000			
60	Sinnesorgane 0.0077			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	0.0000	undef	
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223	8.1755		
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000		
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef		
	Gehirn 0.0008	0.0000	undef	0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef		
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge 0.0000	0.0024	0.0000	0.0000		
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef		
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000		
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef		
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	0.0000		
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie 0.0000					
	Duenndarm 0.0000					
	Prostata-Hyperplasie 0.0000					
	Samenblase 0.0000					
30	Sinnesorgane 0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000					
	FOETUS					
35	%Haeufigkeit					
	Entwicklung 0.0000					
	Gastrointestinal 0.0000					
	Gehirn 0.0000					
	Haematopoetisch 0.0000					
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000					
	Lunge 0.0000					
	Niere 0.0000					
	Prostata 0.0000					
	Sinnesorgane 0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust 0.0000					
50	Eierstock-Uterus 0.0000					
	Endokrines_Gewebe 0.0000					
	Foetal 0.0029					
	Gastrointestinal 0.0000					
	Haematopoetisch 0.0000					
55	Haut-Muskel 0.0000					
	Hoden 0.0000					
	Lunge 0.0000					
	Nerven 0.0010					
	Prostata 0.0064					
60	Sinnesorgane 0.0000					

Elektronischer Northem für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0023			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0010			
	Prostata 0.0000			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0093	0.0196	0.4757	2.1023
	Eierstock 0.0122	0.0078	1.5582	0.6418
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0110	0.0131	0.8386	1.1924
	Haematopoetisch 0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut 0.0348	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge 0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas 0.0133	0.0055	2.3999	0.4167
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
25	Uterus 0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie 0.0109			
	Duenndarm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078			
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointenstinal 0.0092			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0082			
	Lunge 0.0296			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0046			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0210			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0114			
55	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0131			
	Prostata 0.0000			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0232	0.0051	4.5462	0.2200		
	Brust 0.0027	0.0153	0.1747	5.7229		
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895	2.5671		
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000	undef		
	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036	4.9124		
	Gehirn 0.0076	0.0099	0.7741	1.2918		
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000		
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651	1.3069		
	Herz 0.0053	0.0550	0.0963	10.3795		
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447	0.9572		
	Lunge 0.0037	0.0071	0.5267	1.8986		
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7798	0.2646		
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000		
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025	0.7678		
	Pankreas 0.0076	0.0055	1.3713	0.7292		
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237	4.4697		
25	Uterus 0.0083	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie 0.0000					
	Duenndarm 0.0062					
	Prostata-Hyperplasie 0.0089					
	Samenblase 0.0000					
30	Sinnesorgane 0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017					
	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
35	Entwicklung 0.0000					
	Gastrointestinal 0.0000					
	Gehirn 0.0063					
	Haematopoetisch 0.0000					
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041					
	Lunge 0.0074					
	Niere 0.0247					
	Prostata 0.0000					
	Sinnesorgane 0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust 0.0000					
50	Eierstock-Uterus 0.0068					
	Endokrines_Gewebe 0.0000					
	Foetal 0.0017					
	Gastrointestinal 0.0122					
	Haematopoetisch 0.0000					
55	Haut-Muskel 0.0000					
	Hoden 0.0000					
	Lunge 0.0082					
	Nerven 0.0020					
	Prostata 0.0128					
60	Sinnesorgane 0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0085	0.0000	undef
25	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0062			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0031			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0023			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust 0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn 0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
	Haematopoetisch 0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge 0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
25	Uterus 0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenn darm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0118			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0164			
	Lunge 0.0148			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0499			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0137			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0187			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0194			
	Hoden 0.0156			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0131			
	Prostata 0.0321			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust 0.0040	0.0153	0.2621	3.8153
	Eierstock 0.0091	0.0286	0.3187	3.1376
10	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0327	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal 0.0155	0.0095	1.6285	0.6141
	Gehirn 0.0127	0.0099	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0265	0.0275	0.9634	1.0380
	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge 0.0149	0.0260	0.5746	1.7403
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
20	Niere 0.0208	0.0342	0.6078	1.6452
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus 0.0099	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenn darm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	FOETUS %Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0236			
	Herz-Blutgefaesse 0.0286			
40	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0279			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0114			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0210			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0421			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0050			
	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0155			
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0065	0.2039	4.9053	
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836	
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971	
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0000				
	Duenndarm	0.0000				
	Prostata-Hyperplasie	0.0000				
	Samenblase	0.0000				
30	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
	FOETUS					
35		%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Niere	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000				
	Eierstock-Uterus	0.0046				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0064				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0000				
55	Haut-Muskel	0.0065				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0164				
	Nerven	0.0040				
	Prostata	0.0000				
60	Sinnesorgane	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	0.0000	undef	
	Brust 0.0053	0.0153	0.3495	2.8614		
	Eierstock 0.0213	0.0234	0.9089	1.1002		
10	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0518	0.3525	2.8368		
	Gastrointestinal 0.0078	0.0048	1.6285	0.6141		
	Gehirn 0.0136	0.0120	1.1260	0.8881		
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000		
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000	0.0000	undef	
	Herz 0.0095	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden 0.0428	0.0117	3.6565	0.2735		
	Lunge 0.0137	0.0142	0.9656	1.0356		
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000		
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0600	0.0286	35.0255		
	Niere 0.0178	0.0479	0.3721	2.6872		
	Pankreas 0.0170	0.0000	undef	0.0000		
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata 0.0071	0.0383	0.1864	5.3637		
25	Uterus 0.0066	0.0071	0.9283	1.0772		
	Brust-Hyperplasie 0.0218					
	Duenn darm 0.0000					
	Prostata-Hyperplasie 0.0208					
	Samenblase 0.0089					
30	Sinnesorgane 0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0218					
	FOETUS					
35	%Haeufigkeit					
	Entwicklung 0.0154					
	Gastrointestinal 0.0123					
	Gehirn 0.0000					
	Haematopoetisch 0.0039					
40	Herz-Blutgefaesse 0.0164					
	Lunge 0.0037					
	Niere 0.0185					
	Prostata 0.0249					
	Sinnesorgane 0.0140					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust 0.0000					
50	Eierstock-Uterus 0.0434					
	Endokrines_Gewebe 0.0000					
	Foetal 0.0210					
	Gastrointestinal 0.0366					
	Haematopoetisch 0.0000					
55	Haut-Muskel 0.0972					
	Hoden 0.0468					
	Lunge 0.0082					
	Nerven 0.0151					
	Prostata 0.0321					
60	Sinnesorgane 0.0310					

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust 0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas 0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata 0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
25	Uterus 0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0125			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0236			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0748			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0205			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0128			
	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0057			
55	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0128			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495 2.8614
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843
	Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064 4.8443
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801 0.6329
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903 5.2538
	Niere	0.0059	0.0137	0.4342 2.3033
25	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
		FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0046		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0006		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0097		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0050		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust 0.0080	0.0218	0.3669	2.7252
	Eierstock 0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
	Gehirn 0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
	Haematopoetisch 0.0280	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz 0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas 0.0133	0.0442	0.3000	3.3335
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
25	Uterus 0.0264	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0125			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0267			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0123			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0118			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0111			
	Niere 0.0309			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
50	Eierstock-Uterus 0.0274			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0228			
55	Haut-Muskel 0.0324			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0131			
	Prostata 0.0000			
60	Sinnesorgane 0.0077			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092	1.0998		
	Brust 0.0067	0.0153	0.4368	2.2892		
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000	undef		
10	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0136	0.6698	1.4930		
	Gastrointestinal 0.0136	0.0143	0.9500	1.0527		
	Gehirn 0.0144	0.0088	1.6450	0.6079		
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000		
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef	0.0000		
	Herz 0.0042	0.0137	0.3083	3.2436		
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef		
	Lunge 0.0062	0.0095	0.6584	1.5189		
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0997	0.0000	undef		
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0180	0.0952	10.5076		
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517		
	Pankreas 0.0095	0.0110	0.8571	1.1667		
	Penis 0.0150	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata 0.0071	0.0128	0.5593	1.7879		
25	Uterus 0.0099	0.0071	1.3925	0.7181		
	Brust-Hyperplasie 0.0036					
	Duenndarm 0.0218					
	Prostata-Hyperplasie 0.0089					
	Samenblase 0.0089					
30	Sinnesorgane 0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070					
	FOETUS					
35	%Haeufigkeit					
	Entwicklung 0.0000					
	Gastrointestinal 0.0031					
	Gehirn 0.0000					
	Haematopoetisch 0.0157					
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000					
	Lunge 0.0000					
	Niere 0.0000					
	Prostata 0.0000					
	Sinnesorgane 0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust 0.0068					
50	Eierstock-Uterus 0.0068					
	Endokrines_Gewebe 0.0000					
	Foetal 0.0029					
	Gastrointestinal 0.0366					
	Haematopoetisch 0.0171					
55	Haut-Muskel 0.0032					
	Hoden 0.0078					
	Lunge 0.0082					
	Nerven 0.0080					
	Prostata 0.0064					
60	Sinnesorgane 0.0077					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust 0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn 0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenn darm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0079			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
50	Eierstock-Uterus 0.0320			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0367			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0114			
55	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
			%Haeufigkeit	%Haeufigkeit
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust 0.0027	0.0109	0.2446	4.0878
	Eierstock 0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0847	0.0000	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000	0.0000		
	Duenn darm 0.0031	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059	0.0000		
	Samenblase 0.0000	0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061	0.0000		
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000	0.0000		
	Gastrointestinal 0.0031	0.0000		
	Gehirn 0.0000	0.0000		
	Haematopoetisch 0.0079	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	0.0000		
	Lunge 0.0074	0.0000		
	Niere 0.0000	0.0000		
	Prostata 0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000	0.0000		
50	Eierstock-Uterus 0.0000	0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000		
	Foetal 0.0000	0.0000		
	Gastrointestinal 0.0122	0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0000	0.0000		
	Hoden 0.0000	0.0000		
	Lunge 0.0000	0.0000		
	Nerven 0.0050	0.0000		
	Prostata 0.0128	0.0000		
60	Sinnesorgane 0.0000	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0173	0.0523	0.3313	3.0187
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus 0.0066	0.0285	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenn darm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0000	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0128	
60	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock 0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn 0.0025	0.0066	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge 0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0082			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0185			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
50	Eierstock-Uterus 0.0160			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0035			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0114			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0155			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
		Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741	1.2918	
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000	
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069	0.4746	
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef	
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000	
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef	
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata 0.0024	0.0085	0.2797	3.5758	
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef	
25	Brust-Hyperplasie 0.0000				
	Duenndarm 0.0031				
	Prostata-Hyperplasie 0.0059				
	Samenblase 0.0000				
30	Sinnesorgane 0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000				
		FOETUS %Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000				
	Gastrointestinal 0.0031				
	Gehirn 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0157				
40	Herz-Blutgefässe 0.0041				
	Lunge 0.0000				
	Niere 0.0000				
	Prostata 0.0000				
	Sinnesorgane 0.0000				
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust 0.0000				
50	Eierstock-Uterus 0.0068				
	Endokrines_Gewebe 0.0000				
	Foetal 0.0128				
	Gastrointestinal 0.0000				
	Haematopoetisch 0.0000				
55	Haut-Muskel 0.0162				
	Hoden 0.0000				
	Lunge 0.0082				
	Nerven 0.0020				
	Prostata 0.0000				
60	Sinnesorgane 0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0080	0.0153	0.5242 1.9076
	Eierstock 0.0091	0.0078	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0109	0.5023 1.9907
	Gastrointestinal 0.0078	0.0238	0.3257 3.0703
	Gehirn 0.0051	0.0077	0.6635 1.5071
	Haematopoetisch 0.0140	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0050	0.0047	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0033	0.0214	0.1547 6.4632
25	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0185		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0091		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0087		
	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0097		
55	Hoden 0.0156		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0030		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0697		

Elektronischer Notar für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0000	0.0109	0.0000 undef
10	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741 1.2918
15	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef 0.0000
25	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0092		
	Gehirn	0.0125		
	Haematopoetisch	0.0039		
40	Herz-Blutgeaesse	0.0082		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0046		
	Endokrines_Gewebe	0.0490		
	Foetal	0.0058		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
55	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0000		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0046	0.0665	0.0699 14.2976
	Brust	0.0080	0.0436	0.1835 5.4504
	Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597 3.8507
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0213	0.0571	0.3732 2.6795
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0087	0.0142	0.6145 1.6273
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0119	0.0205	0.5789 1.7275
20	Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800 2.0835
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0119	0.0106	1.1186 0.8939
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
25	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0343		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0092		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0476		
	Eierstock-Uterus	0.0274		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0052		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0053	0.0174	0.3058	3.2702
	Eierstock 0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
	Gastrointestinal 0.0097	0.0048	2.0357	0.4912
	Gehirn 0.0059	0.0055	1.0837	0.9227
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis 0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus 0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0154			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
50	Eierstock-Uterus 0.0046			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0082			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0156			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0040			
	Prostata 0.0128			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.1508	0.0616 16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340 29.4320
	Eierstock	0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642 0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289 1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508 1.1753
	Magen-Speiseroehre	0.1062	0.0230	4.6197 0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517 1.0508
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862 1.2720
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018		
		FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0052		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0410		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0449		
	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386 0.8074
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
25	Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0786	0.0554	1.4198 0.7043
	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.1011		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
		FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0065		
55	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5		B_Lymphom	0.0050	0.0136	0.3679	2.7181	
		Blase	0.0078	0.0258	0.3017	3.3143	
		Brust	0.0114	0.0225	0.5088	1.9654	
		Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432	
10		Duenndarm	0.0192	0.0107	1.8036	0.5545	
		Eierstock	0.0089	0.0095	0.9333	1.0715	
		Endokrines_Gewebe	0.0209	0.0337	0.6195	1.6143	
		Gehirn	0.0203	0.0170	1.1947	0.8371	
		Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
15		Hepatisch	0.0186	0.0254	0.7324	1.3653	
		Herz	0.0183	0.0137	1.3291	0.7524	
		Hoden	0.0241	0.0000	undef	0.0000	
		Lunge	0.0146	0.0166	0.8770	1.1402	
		Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0128	2.2671	0.4411	
20		Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278	1.0778	
		Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077	
		Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4570	
		Prostata	0.0217	0.0169	1.2801	0.7812	
		T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
25		Uterus	0.0163	0.0230	0.7068	1.4148	
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0267	0.0000	undef	0.0000	
		Haematopoetisch	0.0080				
		Penis	0.0161				
		Samenblase	0.0281				
30		Sinnesorgane	0.0118				
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointenstinal	0.0111				
		Gehirn	0.0063				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut	0.0000				
		Hepatisch	0.0000				
40		Herz-Blutgefaesse	0.0107				
		Lunge	0.0108				
		Nebenniere	0.0000				
		Niere	0.0124				
		Placenta	0.0303				
45		Prostata	0.0499				
		Sinnesorgane	0.0000				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50		Brust	0.0000				
		Brust_t	0.0000				
		Dickdarm_t	0.0000				
		Eierstock_n	0.0000				
		Eierstock_t	0.0253				
55		Endokrines_Gewebe	0.0000				
		Foetal	0.0070				
		Gastrointestinal	0.0366				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0227				
60		Hoden_n	0.0042				
		Hoden_t	0.0000				
		Lunge_n	0.0000				
		Lunge_t	0.0000				
		Nerven	0.0090				
		Niere_t	0.0000				
65		Ovar_Uterus	0.0203				
		Prostata_n	0.0121				
		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638 1.5065
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693 1.7566
	Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006 0.1351
10	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773 0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263 4.4181
	Gehirn	0.0035	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0279	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0071	0.0137	0.5169 1.9347
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0292	0.0148	1.9733 0.5068
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0269	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0141	0.0052	2.7132 0.3686
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus	0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0040		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0070		
30	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0145		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0058		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0130		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0293		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0020		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0068		
	Prostata_n	0.0243		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
10	Duenndarm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
	Eierstock	0.0030	0.0119	0.2489	4.0182
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0071	0.6790	1.4727
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0055	0.1754	5.7011
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0148	0.5799	1.7246
	Niere	0.0112	0.0193	0.5803	1.7232
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
25	Uterus	0.0015	0.0092	0.1606	6.2251
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0235			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
			Entwicklung	0.0000	
35	Gastrointenstinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0136	1.8395 0.5436
	Blase	0.0078	0.0070	1.1063 0.9039
	Brust	0.0097	0.0211	0.4592 2.1776
	Dickdarm	0.0192	0.0057	3.3639 0.2973
10	Duenddarm	0.0055	0.0213	0.2577 3.8812
	Eierstock	0.0178	0.0143	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0177	0.2716 3.6818
	Gehirn	0.0191	0.0269	0.7092 1.4100
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324 1.3653
	Herz	0.0233	0.0275	0.8491 1.1777
	Hoden	0.0161	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0156	0.0129	1.2028 0.8314
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0192	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597 0.8623
	Niere	0.0090	0.0096	0.9285 1.0770
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137 4.6798
	Prostata	0.0057	0.0091	0.6202 1.6125
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus	0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0246	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0094		
	Penis	0.0107		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0118		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.1253
35	Gastrointenstinal	0.0305		
	Gehirn	0.0938		
	Haematopoetisch	0.0275		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
	Lunge	0.0325		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0185		
	Placenta	0.0242		
45	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.1255		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0816		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0354		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0741		
	Gastrointestinal	0.0366		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.1458		
	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0098		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0191		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0248		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0155		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0141	0.1879	5.3230
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
10	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
			Entwicklung	0.0000	
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045 1.4195
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0119	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835 2.0680
	Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0097	0.0074	1.3155 0.7601
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917 0.7186
	Niere	0.0112	0.0048	2.3212 0.4308
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
25	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638 1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578 6.3369
	Haematopoetisch	0.0027		
	Penis	0.0080		
	Samenblase	0.0070		
30	Sinnesorgane	0.0235		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0083		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
40	Hepatisch	0.0260		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0217		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
45	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0185		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden_n	0.0042		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
65	Nerven	0.0050		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0000		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0197	0.1789	5.5892
	Dickdarm	0.0096	0.0085	1.1213	0.8918
10	Duendarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0124	0.6467	1.5464
	Gehirn	0.0058	0.0010	5.8026	0.1723
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0201	0.0118	1.6964	0.5895
	Lunge	0.0010	0.0074	0.1316	7.6015
	Magen-Speiseroehre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0074	0.6958	1.4371
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
25	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
			Entwicklung	0.0278	
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0185			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0141			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0075 Blase 0.0000 Brust 0.0026 Dickdarm 0.0038 Duenndarm 0.0055 Eierstock 0.0059 Endokrines_Gewebe 0.0032 Gehirn 0.0017 Haut 0.0000 Hepatisch 0.0046 Herz 0.0051 Hoden 0.0040 Lunge 0.0049 Magen-Speiseroehre 0.0000 Muskel-Skelett 0.0017 Niere 0.0000 Pankreas 0.0017 Prostata 0.0000 T_Lymphom 0.0051 Uterus 0.0148 Weisse_Blutkoerperchen 0.0007 Haematopoetisch 0.0053 Penis 0.0027 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0353	0.0000 0.0188 0.0056 0.0000 0.0000 0.0048 0.0000 0.0030 0.0000 0.0000 0.0137 0.0000 0.0129 0.0000 0.0037 0.0000 0.0110 0.0013 0.0000 0.0046 0.0000	undef 0.0000 0.0000 undef 0.4697 2.1292 undef 0.0000 undef 0.0000 1.2443 0.8036 undef 0.0000 0.5803 1.7234 undef undef undef 0.0000 0.3692 2.7086 undef 0.0000 0.3759 2.6605 undef undef 0.4639 2.1557 undef undef 0.1496 6.6855 0.0000 undef undef 0.0000 3.2128 0.3113 undef 0.0000

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000 Gastrointestinal 0.0000 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0118 Haut 0.0000 Hepatisch 0.0000 Herz-Blutgefaesse 0.0000 Lunge 0.0072 Nebenniere 0.0000 Niere 0.0124 Placenta 0.0242 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000 Brust_t 0.0000 Dickdarm_t 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0245 Foetal 0.0151 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haut-Muskel 0.0259 Hoden_n 0.0000 Hoden_t 0.0000 Lunge_n 0.0195 Lunge_t 0.0000 Nerven 0.0090 Niere_t 0.0000 Ovar_Uterus 0.0135 Prostata_n 0.0000 Sinnesorgane 0.0000 Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
5	B_Lymphom 0.0100	0.0136	0.7358	1.3590		
	Blase 0.0000	0.0070	0.0000	undef		
	Brust 0.0106	0.0141	0.7515	1.3308		
	Dickdarm 0.0057	0.0114	0.5046	1.9818		
	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock 0.0208	0.0215	0.9678	1.0333		
10	Endokrines_Gewebe 0.0193	0.0408	0.4724	2.1170		
	Gehirn 0.0087	0.0110	0.7913	1.2638		
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch 0.0000	0.0190	0.0000	undef		
	Herz 0.0101	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden 0.0361	0.0118	3.0535	0.3275		
15	Lunge 0.0117	0.0185	0.6315	1.5836		
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0000	undef	0.0000		
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0369	0.0464	21.5570		
	Niere 0.0201	0.0337	0.5969	1.6754		
	Pankreas 0.0149	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata 0.0132	0.0247	0.5331	1.8758		
20	T_Lymphom 0.0177	0.0299	0.5917	1.6900		
	Uterus 0.0059	0.0046	1.2851	0.7781		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0219	0.0000	undef	0.0000		
	Haematopoetisch 0.0094					
	Penis 0.0161					
	Samenblase 0.0070					
25	Sinnesorgane 0.0353					
	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung 0.0139					
	Gastrointestinal 0.0167					
	Gehirn 0.0000					
30	Haematopoetisch 0.0039					
	Haut 0.0000					
	Hepatisch 0.0000					
	Herz-Blutgefaesse 0.0142					
	Lunge 0.0036					
	Nebenniere 0.0254					
35	Niere 0.0185					
	Placenta 0.0061					
	Prostata 0.0249					
	Sinnesorgane 0.0126					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
40	Brust 0.0000					
	Brust_t 0.0000					
	Dickdarm_t 0.0000					
	Eierstock_n 0.0000					
	Eierstock_t 0.0203					
	Endokrines_Gewebe 0.0000					
45	Foetal 0.0209					
	Gastrointestinal 0.0366					
	Haematopoetisch 0.0000					
	Haut-Muskel 0.0972					
	Hoden_n 0.0251					
	Hoden_t 0.0000					
50	Lunge_n 0.0098					
	Lunge_t 0.0000					
	Nerven 0.0151					
	Niere_t 0.0000					
	Ovar_Uterus 0.0450					
	Prostata_n 0.0303					
55	Sinnesorgane 0.0310					
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0070	2.2127	0.4519
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
10	Duendarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0041	0.0209	0.1934	5.1701
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0146	0.0055	2.6311	0.3801
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0148	0.3479	2.8743
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0163	0.0276	0.5890	1.6977
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0407	0.1226 8.1542
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Brust	0.0097	0.0098	0.9840 1.0162
	Dickdarm	0.0077	0.0171	0.4485 2.2295
10	Duenndarm	0.0055	0.0107	0.5153 1.9406
	Eierstock	0.0089	0.0072	1.2443 0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036 1.6568
	Gehirn	0.0075	0.0090	0.8382 1.1931
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571 0.7369
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278 0.8144
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642 2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0066	0.0013	5.0646 0.1974
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525 0.7394
25	Uterus	0.0044	0.0230	0.1928 5.1876
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0147		
	Penis	0.0027		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
		Entwicklung	0.0000	
35	Gastrointestinal	0.0028		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0247		
	Placenta	0.0121		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0126		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0203		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0087		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0257		
60	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden_n	0.0209		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
65	Nerven	0.0030		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0090		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0774		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190 0.3013
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044 9.5814
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm	0.0027	0.0107	0.2577 3.8812
	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222 1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054 1.1045
	Gehirn	0.0041	0.0040	1.0155 0.9848
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0186	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639 2.1557
	Niere	0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992 3.3427
	Prostata	0.0009	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143 0.9859
25	Uterus	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0040		
	Penis	0.0080		
	Samenblase	0.0070		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0111		
	Gehirn	0.0125		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0121		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe	0.0490		
	Foetal	0.0058		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
65	Nerven	0.0020		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0045		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595 0.6026
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044 9.5814
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef undef
10	Duendarm	0.0000	0.0107	0.0000 undef
	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036 1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605 0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000 undef
	Herz	0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393 2.9475
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049 0.4751
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0022	0.0048	0.4642 2.1540
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975 1.1142
	Prostata	0.0848	0.0651	1.3023 0.7679
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143 0.9859
25	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851 0.7781
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0027		
	Penis	0.0027		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0507		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0121		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
55	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0104		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden_n	0.0084		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
65	Nerven	0.0050		
	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0000		
	Prostata_n	0.0546		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 201

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust 0.0027	0.0305	0.0874	11.4458
	Eierstock 0.0030	0.0833	0.0365	27.3828
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn 0.0576	0.0548	1.0528	0.9499
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0099	0.1693	0.0587	17.0262
15	Hepatisch 0.0446	0.1812	0.2459	4.0660
	Herz 0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden 0.0000	0.1052	0.0000	undef
	Lunge 0.0087	0.0851	0.1024	9.7640
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0274	0.2820	0.0972	10.2887
	Niere 0.3448	0.4245	0.8123	1.2311
	Pankreas 0.1268	0.0387	3.2814	0.3047
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus 0.0033	0.0427	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenn darm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1958			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0922			
	Gastrointenstinal 0.0247			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0079			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0123			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.1815			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0134			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0231			
	Prostata 0.0064			
60	Sinnesorgane 0.0310			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 202

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
5		Blase 0.0000		0.0792	0.0000	undef	
		Brust 0.0040		0.0261	0.1529	6.5404	
		Eierstock 0.0091		0.0156	0.5843	1.7114	
10		Endokrines_Gewebe 0.0036		0.0027	1.3396	0.7465	
		Gastrointestinal 0.0174		0.0143	1.2214	0.8187	
		Gehirn 0.0000		0.0044	0.0000	undef	
		Haematopoetisch 0.0056		0.0000	undef	0.0000	
		Haut 0.0199		0.0000	undef	0.0000	
		Hepatisch 0.0198		0.0647	0.3061	3.2673	
15		Herz 0.0011		0.0000	undef	0.0000	
		Hoden 0.0061		0.0000	undef	0.0000	
		Lunge 0.0224		0.0118	1.8962	0.5274	
		Magen-Speiseroehre 0.0193		0.0000	undef	0.0000	
		Muskel-Skelett 0.0034		0.0000	undef	0.0000	
20		Niere 0.0178		0.0068	2.6050	0.3839	
		Pankreas 0.0019		0.0331	0.0571	17.5010	
		Penis 0.0060		0.0800	0.0749	13.3560	
		Prostata 0.0095		0.0064	1.4915	0.6705	
		Uterus 0.0017		0.0000	undef	0.0000	
25		Brust-Hyperplasie 0.0000					
		Duenndarm 0.0031					
		Prostata-Hyperplasie 0.0119					
		Samenblase 0.0000					
		Sinnesorgane 0.0235					
30		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35		Entwicklung 0.0000					
		Gastrointenstinal 0.0092					
		Gehirn 0.0063					
		Haematopoetisch 0.0000					
		Herz-Blutgefaesse 0.0000					
40		Lunge 0.0259					
		Niere 0.0062					
		Prostata 0.0000					
		Sinnesorgane 0.0000					
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
		Brust 0.0000					
		Eierstock-Uterus 0.0068					
50		Endokrines_Gewebe 0.0000					
		Foetal 0.0274					
		Gastrointestinal 0.0122					
		Haematopoetisch 0.0000					
		Haut-Muskel 0.0000					
55		Hoden 0.0000					
		Lunge 0.0410					
		Nerven 0.0000					
		Prostata 0.0064					
		Sinnesorgane 0.0000					

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für

5 entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) *Statistics*, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit 10 hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur 25 Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), *Nucleic Acids Research* 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein

35 erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) 40 oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen 50 Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden. Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen

5 Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

10 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die 15 Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses 20 Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch 25 verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei 30 eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten 35 Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

40 Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

45 Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klonen mit der 50 Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in

verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

5 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

10 Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Genome Systems sind unterstrichen.

Brust Tumor

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
3	431/F/22	461/J/18	276/D/4	360/G/5	276/D/5
7	241/D/11				
9	<u>13/M/23</u>	<u>102/H/20</u>	<u>210/O/17</u>	<u>278/B/10</u>	<u>278/B/20</u>
10	319/P/11	<u>492/J/15</u>			
23	565/E/8				
25	<u>38/D/4</u>	<u>60/B/17</u>	<u>70/K/14</u>		
39	<u>425/C/18</u>				
42	221/L/9	407/M/9			
43	233/F/11	411/C/6	411/C/8	461/C/20	
45	557/D/15				
58	222/C/8	431/O/16			

TABELLE I

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomal Lokalisation	Marker
2	im Brusttumor überexprimiert	Ein 17-kDa Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nichts publiziert ist.	2x "UBIQUITIN_2"	670	1p36.31-p36.32	stSG29288 (D1S243-D1S468)
3	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen Transkriptionsfaktor.		1845	19q13.2	SHGC-11892 (SHGC-5919-D19S1071)
4	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein" gehört zu einem "Proteinase-Scavenging-System", das Proteinase-Aktivität abfängt.		1499	4p16.3	D4S412-D4S2925
5	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)" spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation.	"EF_HAND_2"	688	1q21.2-q21.3	WI-6071 (D1S305-D1S635)
6	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Lamin B2 (LAMB2) bildet u.a. die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt. Sie spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription.		909	19p13.3	D19S886-D19S216

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
7	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich die regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde.		930	1p36.23-p36.31	D1S253-D1S450
8	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin-Familie). Diese schützen die Zelle vor oxidativen Prozessen.	"AhpC-TSA"	989	unbekannt	unbekannt
9	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2017	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590-SHGC-5722)
11	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt, reguliert über die Aktine die Zellbeweglichkeit.	"Gelsolin"	1365	2p11.2-2p12	D2S289-D2S388
12	im Brusttumor überexprimiert	Ein Östrogen-induzierbares Gen (LIV-1), dessen Funktion noch nicht verstanden ist.		1597	18q12.2-q12.3	WI-14709
13	im Brusttumor überexprimiert	Die humane "integrin-linked kinase (ILK)" steuert den Zusammenbau der Fibrinogen-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin. ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen.	3x "ank"; 2x "pinase"	1780	11p15.3-15.5	D11S1318-D11S1338

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
14	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	"histone"; "Arch_histone"	892	6p21.2-p22.3	D6276- D6S439
15	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"); es spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel.	"ER"	992	14q22.3-q24.1	D14S63- D14S251 (SHGC- 33845- SHGC- 36869)
16	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Tim23 ist im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert.		1196	10p15.1-q11.23	stSG1413 :D10S604- D10S220 unbekannt
17	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich ein neues Ca2+-bindendes Protein.	"S_100"	1105	unbekannt	
18	im Brusttumor überexprimiert	Ein neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zu Maus "synaptosomal associated protein".		2006	7p12.1	D7S499- D7S2429
19	im Brusttumor überexprimiert	Das humane ITTF ("intestinal trefoil factor").	"trefoil"	834	21q22.3	D21S1887 (D21S1259- D21S1260) unbekannt
20	im Brusttumor überexprimiert	Der humane RNA polymerase II Transkriptionsfaktor.	"UBIQUITIN_2"	765	unbekannt	
21	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		779	unbekannt	unbekannt
22	im Brusttumor überexprimiert	Die humane JAK1 Tyrosinkinase.	"pkinase"	2327	1p31.1-p32.1	T29761 (D1S203- D1S2865)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
23	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt			9114p11	SHGC4-959 (D4S774- SHGC4- 1002)
24	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt			595	unbekannt
25	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt			88618q23	
27	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt			1684	21q21.3-q22.12
29	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül.	"ribonuclease_T2"		12496q26-q27	A006Y36 (D21S260- D21S261)
30	im Brusttumor überexprimiert	Das humane 80K-L Protein (auch MARCKS), ein Substrat der Protein-Kinase C. MARCKS bindet Calmodulin, Actin und Synapsin.		3070	6q21	D6S264- D6S1697 SHGC- 13147 (SHGC- 31123- AFM059xh8)
31	im Brusttumor überexprimiert	Das humane BCL-X, ein Apoptosis-Regulator.		2751	1p21.1	SHGC- 32538; D1S2865- D1S418

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
33	im Brusstumor überexprimiert	Der humane Benzodiazepin-Rezeptor.		890	22q13.33	PC106 (SHGC-7735-PH130)
35	im Brusstumor überexprimiert	Die humane Ubiquinon Oxidoreduktase.		693	5p13.1-q11.2	sts-H45672 (D5S628-D5S474)
36	im Brusstumor überexprimiert	Eine neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört.		1054	unbekannt	unbekannt
37	im Brusstumor überexprimiert	Der Monocyte/Macrophagen "Ig-related receptor MIR-7".		541	12q14.2-q14.3	SHGC-33073 (SHGC-35867-D12S1722)
38	im Brusstumor überexprimiert	unbekannt		1187	unbekannt	unbekannt
39	im Brusstumor überexprimiert	Eine neue putative Serin-/Threoninkinase.	"pkinase"; "pkinase_C"	2281	6q22.33	WI-13202
40	im Brusstumor überexprimiert	Das putative Kupfer-Aufnahme Protein hCTR2.		1759	9q31.3-q32	WI-11879
41	im Brusstumor überexprimiert	Die humane Alpha Galaktosidase A.		1447	Xq22.2-q23	DXS1231-DXS1059
42	im Brusstumor überexprimiert	unbekannt		831	1q32.1-1q32.2	AFMa082wf9 (SHGC-12033-AFM224xc1)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
43	im Brusttumor überexprimiert	Diese neue Sequenz hat eine gewisse Homologie zur Benzoat-Coenzym A Ligase.		528	17q21.33	SHGC-31935 (NIB1385-SHGC-30378)
44	im Brusttumor überexprimiert	7TM-Protein		1027	22q13.33	AFMb040xd1 (SHGC-11380-AFMa151xe9)
45	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Phosphatase 2A B56 (PP2A).		2160	1q32.2-q32.3	Wt-7329 (AFM203zb6-AFM156xg7)
46	im Brusttumor überexprimiert	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin; Hs.24930; Homo sapiens cofactor A protein mRNA		642	unbekannt	unbekannt
47	im Brusttumor überexprimiert	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11; Hs.110222		1415	1q32.1	sts-F17262 (D1S2622-D1S306)
48	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog einer "HELICASE" ATP-abhängigen RNA-Helicase.		2949	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC-13473-AFMb021zd1)
49	im Brusttumor überexprimiert	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist; Hs.73851		665	unbekannt	unbekannt

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
50	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		904	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
51	im Brusttumor überexprimiert	neue humane ATPase		1239	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)
52	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.10927		966	19p13.3-p13.2	stSG8216 (pTEL- D19S413)
53	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zum NAG-2 Gen; Hs.26518	"transmembrane4"	556	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
54	im Brusttumor überexprimiert	Arginin Methyltransferase; Hs.20521	"SAM_BIND"	1349	19q13.13- q13.33	D66904 (D19S425- D19S418)
55	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.5241		2021	17q11.2-17q12	sts-F18808 (D17S933- D17S800)
56	im Brusttumor überexprimiert	Stromelysin	"hemopexin"	900	22q11.23-q12.1	D22S446- D22S419 (SHGC- 2886- SHGC- 33862)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomal Lokalisation	Marker
57	im Brusttumor überexprimiert	humanes GTP bindendes Protein		1212	Yp11.3 bzw. Xp22.33- Xp22.32	SHGC-5419 alias DXYS153 (DYS290- DXYS136)
58	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	"Uteroglobin"	494	11p11.2-q13.1	GATA8A08- SHGC- 31731
59	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"Ribosomal_L21p"	729	12q14.1	D12S335
61	im Brusttumor überexprimiert	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	2x "IMPDH"	1315	14q11.1-q11.2	SHGC-11217 (SHGC- 31972- AFM084/ya1)
62	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"NLS_BP"	2011	16q12.1	SHGC- 34581 (D16S3363 E- D16S3334)
63	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2009	1p21.1	SHGC- 32788
64	im Brusttumor überexprimiert	Ets Transkriptionsfaktor	"Ets"	2269	1q32.2	unbekannt
65	im Brusttumor überexprimiert	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette		1874	Xq23	SHGC- 37555

S q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
66	im Brusttumor überexprimiert	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein- Kinassen Inhibitor		687	1q21.2-q21.3	D1S305- D1S2635
67	im Brusttumor überexprimiert	möglicherweise eine Dehydrogenase		1528	unbekannt	unbekannt
149	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4		1624	4p16.3	D4S412- D4S2925
150	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 9		1756	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590- SHGC- 5722)
151	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25		1638	18q23	SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)
152	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 27		2589	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260- D21S261)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
153	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 44		2963	22q13.33	AFMb040xd (SHGC- 11380- AFMa151xe 9)
154	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 45		3234	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7)
155	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 48		3080	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1)
156	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		2407	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
157	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51		1625	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)

S. q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
158	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 53		1402	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
159	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 62		2159	16q12.1	SHGC- 34581 (D16S3363 E- D16S3334)
160	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 63		2795	1p21.1	SHGC- 32788
161	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 67		1711	unbekannt	unbekannt
201	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Osteopontin.	"Osteopontin"	1712	4q21.23-q22.1	D4S1542
202	im Brusttumor überexprimiert	Proteoglycan		1610	2p23.1-23.2	D2S387 (D2S171- D2S320)

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No
3	71
9	72 73 74 75 76
14	77
16	78
17	79
18	81
19	82
20	83
21	84 85 86 87
23	88 89
24	90
25	91
27	92 93
29	94
31	95 96 97 98
33	99 100
35	101
36	102
38	103
39	104
40	105
41	106
42	107
43	108 109 110
44	111 112 113
46	114
47	115 116
48	117
49	118 119
50	120
51	121
52	123
53	126
54	128
55	129 130 131 132 133
56	134 135
57	136
58	137
59	138 139
61	140
62	141
63	142 143 144
64	145
66	146
67	147
149	162 163 164

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No
150	165 166 167
151	168
152	172
153	174
154	177 178 179
155	180
156	183 184 185
157	187
158	190
159	192 193 194
160	195 196 197
161	198

Die erforderlichen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-200 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusstumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 143

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```

ataggggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcc 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gcccacagcc cacaaggccac agccatgggc tgggacctga 120
cggtaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcggtgt 180
cagagctgaa ggccgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg 240
ctgtccaccgc gaggcgtgtg gcgctgcagg acagggtccc cttgcccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cacggcctg ctgggtgtgg acaaatacgca cgaacctctg agcatcctgg 360
tgaggaataa caaggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtggc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gcccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagccccctga 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct 600
aaggcctcc accagcatcc gagcaggatc aaggccgga aataaaggct gttgtaaaga 660
aaaaaaaaaa 670

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1845 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

gggccgtca cgggacagag cagtcggta caggacagag cagtcggta cgggacacag 60
tggttggta cgggacagag cggcggta cagcctcaag ggcttcagca ccgcgcctt 120
ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctgtt ggagaagcag 180
acatggactt cctgcggaaat ttattctccc agacgcttag cctggcagc cagaaggagc 240
gtctgttggta cgagctgacc ttggaaagggg tggcccgta catgcagagc gaacgctgtc 300
gcagagtcat ctgtttggta ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
gtctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccatcttccc taccctagg 420
ccatcttgc gatcagctat ttcaagaaac atccgaaacc cttcttcgccc ctcgccaagg 480
aactctatcc tggcagttc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
ggctggaaca ggaggactt gttggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660

```

ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
 gacgcccaga tgtgaagact gtcagaggct ggtgaaggct gatatcgct ttttggta 780
 gaggctccca ggcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttccctgaagg tggacctcct 840
 cctggtcatg ggtacctctc tgcaaggta gccccttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
 cctctccacc cctcgctgc tcatcaacaa ggagaaagct ggccagtcgg accctttcct 960
 ggggatgatt atggcctcg gaggaggat ggacttgcac tccaagaagg cctacaggga 1020
 cgtggcttgg ctgggtgaat ggcaccaggc ctgcctggcc ttgcgtgagc tccttggatg 1080
 gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgccc agcatagatg cccagtcggg 1140
 ggcgggggtc cccaaacccc gcaactcagc ttcccccaga aagtccccgc cacctgcaal 1200
 ggacgaggcc aggacaacag agagggagaa accccagtga cagtcgcata tcccaggcgg 1260
 gatgccgagc tcctcaggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggcccccctt cttaccagc 1320
 agttcttgc tggggagctc agaacatccc ccaatctt acagctccct ccccaaaact 1380
 ggggtcccaag caaccctggc ccccaacccc agcaaatctc taacacctcc tagaggcaal 1440
 ggcttaaaca ggcatctcta ccagccccac tgcctctaacc cactcctggg ctaaggagta 1500
 acctccctca tctctaactg ccccccacggg gccaggggcta ccccaagaact tttaaactctt 1560
 ccaggacagg gagttcggg ccccccactct gtctcctggc cccgggggccc tggctaaag 1620
 taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgcggccctc tgaatctaacc ccacacccag 1680
 ctagggggga gtctgagccg ggagggtctcc cgagtctctg cttcagctc ccaaagtggg 1740
 tggtggggccc cttcacgtg ggaccacccat cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt 1800
 attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaaaaaaa 1845

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

cggctcgagg ggcggcgga gggtcaggc gtttctgcgc gggctccgg cgctgctact 60
 gctgctgctc ttccctgggc cctggccgc tgcaaggccac ggcggcaagt actcgccgg 120
 gaagaaccag cccaaacccgt ccccgaaacg cgagtccggaa gaggagttcc gcatggagaa 180
 gtgaaccag ctgtgggaga aggcccacgc actgcatactt cctccctgtca ggctggccga 240
 gctccacgcgt gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaaga aactaaagct 300
 tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360
 cttggccaag tatggctgg acggaaagaa ggacgctcg caggtgacca gcaactccct 420

cagtggcacc caggaagacg ggctggatga ccccaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480
 gaagacctct gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540
 tcacaaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600
 aatccacgag aacgtcatta gcccctcggc cctgagcgc acatcaaggcga gcgtcctgca 660
 cagcaggcac acggagctga aggagaagct ggcgcagattc aaccaggcgc tggaccgcct 720
 ggcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggctgag ttcgaggagc ccagggtgat 780
 tgacctgtgg gacctggcgc agtccgcca cctcacggac aaggagctgg aggcttccg 840
 ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaagcagct 900
 ggagattgcg cacgagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgcacggc agcgtgtgag 960
 ccgcagccgc gagaagcacg ccctgctggc gggcggacc aaggagctgg gctacacggc 1020
 gaagaagcat ctgcaggacc tgtccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctg 1080
 aaggcattgg ggagcccagc cccggcaggga agaggccagc gtgaaggacc tgggctttg 1140
 gccgtggcat ttccgtggac agcccccgt cagggtggct ggggctggca cgggtgtcg 1200
 ggcaggaagg attgttctg gtgactgcag ccgctgcccgt cgccgacacag ggcttgg 1260
 tggtagcatt tgggtctgag atcggccca gatctgactga aggggcttgg cttccactc 1320
 gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgtcagg 1380
 gatagtcctc tgctaaaaca acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccgg 1440
 aataccatgc acagagtccct taaaaatag agtgcagttat ttaaacc 1499

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

gggccaagtgc ccccaagtccag gagctgccta taaatgccga gcctgcacacg ctctggcaaa 60
 cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgc aatgtcgca 120
 gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caataactctg tgaagctgg 180
 gcacccagac accctgaacc aggggaatt caaagagctg gtgcggaaat atctgcaaaa 240
 ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
 cacaaatgca gacaagcagc tgagttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
 ctggccctcc caccgagaaga tgcacgaggg tgacgaggc cctggccacc accataagcc 420
 aggccctggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gcccacggc 480
 cgcccacagt catggggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540

tctaccacac cagggccccg	gggcctgtta	tgtcaaactg	tcttggctgt	ggggcttaggg	600	
gctggggcca	aataaaagtct	cttcctccaa	gtcagtgctc	tgtgtgcctc	ttccagctcc	660
tgttcaacac	tgcccttcca	ggggtgtg				688

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

tcgagccgca	ttcgaccaga	agtcggcgca	cgcggcctcg	gtccgggtga	cttgcggac	60
catggagggc	ggcttcggct	ccgatttcgg	gggcctccggc	agcgggaagc	tggacccagg	120
gctcataatg	gagcaggtga	aagtgcagat	cgccgtggcc	aacgcgcagg	agctgctgca	180
gaggatgacg	gacaagtgtt	tccggaagtg	tatagggaaa	cctgggggct	ccctggacaa	240
ctccgagca	aagtgcatcg	ccatgtgcat	ggaccgctac	atggacgcct	ggaacaccgt	300
gtctcgcc	tacaactcgc	ggctgcagcg	ggaacgagcc	aacatgtgac	cggcgagcgc	360
ggccaccccc	accctgttca	tttccataaaa	cgtgcttga	gaggcggggt	ccgcatgtac	420
gtactgcctg	cccggggctt	aggagggtgg	caccggtgct	gggacacacacg	ggactgtgtc	480
ctcgccaccc	cccgccctgc	ccccctgccag	ccagtgcagc	ttggatctcg	gggtgtggg	540
gccctgtgcc	ttcctgaagt	gctggcagcc	cagtggcacc	tccttcaggc	ctttggggta	600
ttccccctagt	gtgccaagt	cagcctcata	ttctggcgg	acagttgtc	tggacttcgg	660
agttgggggt	gtcagacac	cacaggagct	gtcacctct	gcggatgggc	aaataaattg	720
gtggaggagc	gaaagaaaacc	tcttatttc	cctcctgagg	ggtctctctc	tgggaagagg	780
tgacgcgtgt	ccctgaaacc	ccagctcgaa	gggtctcagc	ctcccctggg	ttgggagaag	840
tccatcttcc	cccttagtgc	caccgggctg	ctgagtcacg	aggaatgtgt	tgctgctgcc	900
accctgtgcc						909

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 930 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

tggggccaag gcggcgtgag tctgcgcagt gtggggctga gggaggccgg acggcgcg 60
tgcgtgctgg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaacat ataaacataaa 120
aatggcttcc aaaagagctc tggtcatcct ggctaaagga gcagaggaaaa tggagacggt 180
catccctgtt gatgtcatga ggcgagctgg gattaaggtc accgttgcag gcctggctgg 240
aaaagaccca gtacagtgtt gccgtgatgt ggtcattttgt cctgatgcca gccttgaaga 300
tgcaaaaaaaa gagggaccat atgatgtggt ggttctacca ggaggttaatc tggcgccaca 360
gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gaggcaggaaa accggaaagg 420
cctgatagcc gccatctgtg caggtcctac tgctctgtt gctcatgaaa tagttttgg 480
aagttaaaggta acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540
ctactctgag aatcggttgg aaaaagacgg cctgatttctt acaagccggg ggcttgggac 600
cagcttcgag tttgcgttgg caattgttga agccctgaat ggcaaggagg tggcggtca 660
agtgaaggct ccactgttcc ttaaagacta gagcagcgaat ctgcgacat cacttagaga 720
aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta aacaaaacag tggtaggtta 780
atgtgttcaag aagtgcgtt ctttactact tttgcggaaat tatggaagtc acaactacac 840
agagattttc cagccatcaa attgtgtcta tacatttcta agcccttgcattt gcagaataaa 900
cagggcattt agcaaactaa aaaaaaaaaaa 930

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

cgcgcgggcg tcgtgcacgc ggttgtagct gcccggcgcc ggcagaagcg gcgcgcgc 60
caagggacgt gtttctgcgc tcgcgtggc atggaggcgcc tgccgctgct agccgcaca 120
actccggacc acggccgcca cccgaaggctg cttctgctgc cgctactgct gttccctgctg 180
ccggctggag ctgtgcaggc ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
tgccacttct acgcgggtgg acaagtgtac cccggagagg catccccgggt atcggtcgcc 300
gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcctca ctggaaagga 360
acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tggaaatac 420
ttggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgcgt gtccaaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaataactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttaccattt ggcctggatt aatacccccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagattt acccatcaga tctcaaagga ctatgggtta 660
taccttagagg actcaggcca cactctttaga ggtctttca ttattgtga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttcct gtgggttagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat cccagatcca gctgaaagc tgaagtattt cgataaaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgtat cttgaaagtt ctcataaaag ttcacggttt 960
cattaccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 989

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttcctgta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccagg tctgtattat cctactgcca cataggaagt aaaatgagta ctcacagcct 120
tgcgccta at cactgaacac agcttttagt aatgtttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagccttc tgtgattatt cttccttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaattttaga cctggagctt ttgacacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttact 300
acagactctc tggaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaaggccatc atcatgtcca cgtcgctacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc ttcgtaa aagccgtggg caacatctt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgcata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagctttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgagtt tgtgagattc taacagatgc agcatttgc tgctaccta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaagg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggta caaagactcc aaacaatttc atgcctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttggaaaactcttc cgtccctgca gggaaaggatt gatgctgata 960
gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattt 1020
tccagggtca ctttgcagg cccttaggact taaatcgaag ttgaactttt tttttttt 1080
aacccaaata gatggggagg ggaggaggaa gagggaggac agggagagaa aataccatgc 1140
ataaaattgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt 1200
gtctattggat agatattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat 1260
gcctgaaaaaa gtgcaccaca tggatgtttaa gtagaaaattc aagaaatgtaa gatgtcttca 1320
gcaactcagt aaaaccccttac gcccacccctt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttca 1380
acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tctttataa atccaaagta ctgtgaaaac 1440
attttacata ttttttaat cttctgacta atgctaaaac gtaatcta ataaatttcat 1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaaatgtt tataaagact 1560
ctatagtttca tataattttt tttactggca aatgtcatgc aacaataata aattatttgc 1620
aactttgtgg cttttggctgtgtatgttgc tctctaaagg aaaaaataag atggtaatg 1680
ttgatattta caaacttttcaaaatgttgc tctctaaagg aaaaaatgtt ttttagagt 1740
gttttatattt aattaccaaa ctttttcaaa acaaattttt acgtcaaaa tctggaaagt 1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt 1860
ggcattttcta tttatgtatc cattaaggat gagtttaaa aggctttctc ttcatactt 1920
tgaaaaaattt cttctatgtatc tacagtagct atgtacatgt gtacatctat tttcccaag 1980
caatatgttt tggttttaga gtctgagtga tgaccaa

```

2017

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag  60
catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccgggcct gtggcgcaag agaaccaggg 180
cgctttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
tctgcacccgt tggataggcc agcagtcata ccgggatgag cagggggcct gtggcgtgt 300
ggctgtgcac ctcacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgaggc 360
aatgagtctg acctttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagttacca ggaagggtgg 420
gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccccat gaaactctac 480
caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagctc 540
aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtgggtga 600
aagtccaaaca tcctggAACg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
gagcgcacagg gcaaggccc ggtggagatt gtcactgtat gggaggagcc tgctgagatg 720
atccaggtcc tggggcccaa gcctgctctg aaggaggcga accctgagga agacactcaca 780
gctgacaagg caaatggccca ggccgcagct ctgtataagg tctctgtatgc cactggacag 840
atgaacctga ccaagggtggc tgactccagc ccatttgcctt ttgaactgtat gatactgtat 900
gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
gcaaatgaga aggagcggca ggcagccctg cagggtggccg agggcttcat ctcgcgcatt 1020
cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatctt 1080
aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tggggctt cctgccccat gctccctgc 1140
ccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggc agtgcagagg tgccccctgc 1200
agatgttcaa taaaggagac aagtgtttt ccagctttt tcctgcaaaa cctgcccgg 1260
gctgattctc actgtcaccc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt 1320
agcacacaga tgacaattgg acagccttgg agggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1597 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

accaatggcc aggccatcgc tgaaaagatgc cggcgctcgcc actctggcc ggtatggat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attgggtgtc cttttactga 120
aggcttatca agtggttaa gtacttctgt tgctgtgtc tgcatacgat tgcctcatga 180
attaggtgac tttgcgttgc tactaaaggc tggcatgacc gttaaaggcagg ctgccttta 240
taatgcatttgc tcaaggcatgc tggcgatctt tggaatggca acaggaaattt tcattggta 300
ttatgtcttca aatgtttcttca tggatattt tgcaacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctgggtt gatatggtaatcttgc tggaaatgttgc gcaaatgtat gctatgtgacc atggatgttag 420
ccgctggggg tattttttt tacagaatgtc tggatgtctt ttgggttttggattatgtt 480
acttatttcc atatttgcac ataaaatcgat gtttgcgtata aatttcttagt taagggtttaa 540
atgcttagatg agctaaaaaa gttgtcatag tttcagtttgc tcataggggat atgagtttgc 600
atgctgtact atgcagcgat taaagtttagt gggttttgtt attttgcattt tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggatgtt ttaatattt aagtttatttctt atcttggaga 720
taaaatctgt atgtgcattt caccggattt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaaa atgtctttaa tgcttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctgggttttgc ggaataagaa 900
tgtgcattgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaagg 960
agaaaaagaga agaatctgag aattggggag gcatagattt ttataaaaat cacaaaattt1020
gttggtaaattt agaggggaga aattttagat taagtataaa aaggcagaat tagtatacgat1080
tacatttattttt aaacattttt gtcaggattt ttcccgtttaa aaacgtatgtt aggcaactttt1140
catatactaa tttagttgtt catttaattt tgcataatac agaaaatctaa atatatttaa1200
tgaattcaag caatataatca cttgaccaag aaatttggat ttcaaaaatgt tcgtgcgggt1260
atataccaga tgagtacatg gatgtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaagt1320
tatataatcac caaaagctgt atgactggat gttctggat cctggtttac aaaattatca1380
gatgtatggat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattt1440
gattcagaaa gtactttgtt atctctcagt gcttcagtgc tattcattgtt agcaattgtt1500
ttttatatac ggtactgtt ccatactagg cctgtctgttgcattctcta gatgtttctt1560
tttacacaa taaatttccat atatcgtt gaaaaaaa 1597

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgcggc cggacggtag ttcccccggag aaggatcctg cagccccgagt cccgaggata 60
aagcttgggg ttcatcctcc ttccctggag cccgagtc ctcctcaggc ttccccaatc 120
caggggactc ggcgcggg a cgtctatg gacgacattt tcactcagt cccggaggc 180
aacgcagtgc cgcgtccct gtggctggac aacacggaga acgaccta a ccagggggac 240
gatcatggct tctccccctt gcaactggg tgccgagagg gcccgc tgc tgggtttag 300
atgttgcata tgcgggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga caccggctg 360
catctggcag ccagtcatgg acaccgtat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgcctgc actatgcctg ttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtgca aatggggccc ttgtcagcat ctgtacaac 540
tatggagaga tgcctgtgca caaagccaag gcacccctga gagagcttcc cgagagcgg 600
gcagagaaga tggggccagaa tctcaaccgt attccatatac aggacacatt ctggaaagg 660
accacccgca ctcggccccg aaatggaaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaa 720
cagcttaact tcctgacgaa gctcaacgag aatcaactg gagagctatg gaaggccgc 780
tggcaggggca atgacattgt cgtgaaggtg ctgaagggtc gagactggag tacaaggaag 840
agcaggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctcaggattt tctcgcatcc aaatgtgctc 900
ccagtgcgt gtcgcctgcca gtcctccaccc gtcctcatac ctactctcat cacacactgg 960
atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaagggca tggccttcc acacacata 1080
gagccctca tcccacgaca tgcactcaat agccgtatg taatgattga tgaggacatg 1140
actgcccggaa ttagcatggc ttagtgcataa ttctttcc aatgtcctgg tcgcattat 1200
gcacctgcct gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260
tcagcagaca tggggagttt tgcagtgc tctgtggaaac tggtgacacg ggaggtaccc 1320
tttgctgacc tctccaatggatggatggatggcatttggaaagg ccttggct 1380
ccatccccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440
accctgcaaa ggcggccaaa ttgacatgat tttgcctat ctttggaaag atgcaggac 1500
agtaggactg gaaggtccctt gcctgaactc cagagggtgc gggacatgg tggggaaatg 1560
cacctccccca aagcagcagg cctctgggttgcctcccccgc ctccagtcat ggtactaccc 1620
cagccatggg gtcacatcccc ttccccccatc cttaccactg tggccccaag agggcgccc 1680
tcagagcttt gtcacttgcc acatgggtgc tcccaacatg ggaggatca gccccgcctg 1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaaa aaagggtgtgg 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgtttc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccgaa ccagcgaagt ccgcgtccgc gcccaagaag 120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc 180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg 240
gcatctccctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgc 300
tcgcgggtga ggcttccgc ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg 360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc cccgggagtt ggccaagcac gccgtgtccg 420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt 480
tctctggaat ttctgtat gaccaagaaa gcttcttatac aaaagaagca caattgcctt 540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac cttagatggac 600
tttccaccaa gctaaagctg gcctcttgcat ctcattcaga ttccaaagag aatcatttac 660
aagttatattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca 720
aagaatttgc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtttataagcttct 780
gtAACCCACT ggggggttgg ggtatattc tttggtcctc agccctgtac cttataaaat 840
ttgtatgcct ttctctttaa aaaaaaaaaag gagggaagaaa ggaagaggat qc 892

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 992 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH- NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggtt gtagttaaagc tcgtgtaaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc tgttagcgaag agagttggc qcqatqtctc acaccatttt gctggatcacaa 120

cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatt 180
 gaaggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatccaa cagtcctct 240
 atcacatatg acatcagtca gttgtttgat ttcatcgatg atctggcaga cctcagctgc 300
 ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag 360
 aagatctacg tgctcctcg tcggcaggcc caacaggctg ggaataatt gtgttggaaag 420
 cactgggggg gttgggtgg gcttggaaaca caggtgtgta cagcgtgctg tagtggaaagt 480
 ttgttatcat agtaatcctg tttccactt gttatactct agccaagatt gactgttatta 540
 gatgaaatgt gaggatcttgc tcaatcgaa aaccccggtt acctcctctt tttcttctc 600
 tttctttttt ttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaaag ttgttctcg 660
 tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720
 taacccttct tcaagatggg gtgggggggt gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
 aagtcttgggt aaaaataaaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaaaa aaaattgaag 840
 gactggaaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tggggaaag gctttggacc 900
 tagaccaacc tggattgaaa tctaatttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
 ttcccacatc tatcagtggg gataatgcctt ag 992

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

gggccccgg aaggtcagcg tggtaagtag gcgctggcaa cgccccgtta cccgctgtta 60
 ttgaggaga acggcccgac ggaccaccca ggcttgaggc agcggcggga accactcggt 120
 ttgctgcgtt accatgaaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
 cggcttttc ggagccggcg gagcaggta ctcgcacgcg gatttggctg gcgtcccgct 240
 aactggatg aaccctctgt ctccattttaa atatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
 tacagatgatg ttatatttac ctaccggac taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
 cttcttacg attggaggat gtgcgtgac aggggctgcg ttgggtgcaa tgaatggct 420
 tcggcttagga ttgaaggaaa cccagaacat ggcctggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480
 ttgaatatg gtgacttaggc aaggggcact ttgggtcaat actctaggtt ctctggctt 540
 gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
 cacagtagca gctggaaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacaggcg gtcttcgagg 660

gatagcacga ggtggctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
 ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcaactc tgaagattt gccaactcat 780
 gaatggagga cacttcagta gtcatactaga tcctttata agacagttt gagttattct 840
 ctctcttcta cctacaatta gtttggaaaaa ttggagattt tgatttgc tgatgaaaat 900
 cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
 ctttggtgac tcactgagta ccatacggttct gttctccctt ggagatcttgc cacgtatctg 1020
 ttttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tactccaga attcaggtcg tgcttgtag 1080
 tactatatac ccaagtccat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc 1140
 aaataaaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaaa aaaaaaa 1196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

ggcttaggcc cagccccctg cctcccccctcc cttccccccag gtataagagc tgagctcagg 60
 ttagctggct cctccctgtct tgcgtcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120
 tctggggcca gctataggac aacagaactc tcacccaaagg accagacaca gtgagcacca 180
 tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgtat gtggagaggg 240
 ccattgagac cctcatcaag aactttcacc agtactccgt ggagggtggg aaggagacgc 300
 tgacccttc tgagctacgg gacctggtca cccagcagct gccccatctc atgcccagca 360
 actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
 tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
 tccgggggca ctgagaactc cctctggaaat tcttgggggg tggtggggag agactgtggg 540
 cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagcctgc acctgtcc 600
 atctctgcaa agttcagctt cttccccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
 gggagctcat gggtgaggaa gtctccacca gagggaggct caggggactg gttggccag 720
 ggtatgaatat ttgagggata aaaattgtgt aagagccaaa gaattggtag tagggggaga 780
 acagagagga gctgggctat gggaaatgtat ttgaaataatg gagctggaa tatggctgaa 840
 tatctggtac taaaaaaaggg tctttaagaa cctacttcctt aatctcttcc ccaatccaaa 900
 ccatacgctgt ctgtccagtg ctctcttcctt gcctccagct ctggccccagg ctcccccctag 960
 actctgtccc tgggcttaggg caggggagga gggagagcag gggtggggga gaggtctgag 1020

agagtgtgac atgtggggag aggaccagct gggtgcttgg gcattgacag aatgatggtt1080
gttttgtatc atttgattaa taaaaa 1105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

tgcgagccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgct ggcgcggccgc ggaggcgctg 60
ggccggcgcc ctcctgcagc gggcgcccc ctgcagccctc ctgcccagc tccggacatg 120
gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agtgtatcca agaaaagatg cccactccaa ttccttagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaaatttg 300
tcaagagggt ttgc当地aaga ttcacgaaga taaacactac cttgtactt tggggggac 360
ttgaacacg tggatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctc当地aag tcatgaataa actcagagaa aataaggaa ttttgaattt 480
tcgtaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttcttggaaat gagc当地tgc caagatccgg acctaata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga tt当地atgggg caattactgg gtc当地tgcaa tccgcttcag 660
acaggatggg aacgaagccg tccgaggatt ct当地ctctcag attgggcagc tgtacatgg 720
gcaccatctt tggc当地taca gggatctca gaccaggaa gacatacggc atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctggagg aattggata tt当地acagtt cc当地tatttcc agggaaatgg 840
atccagaatc atgatcccac tgaagacctc gccc当地ccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgc当地tacat acatttctgt gacaaggatt tgctgtaat taattttaat tggatcaa 960
gtgaaaaaaa aacactgagg tt当地aagctg ct当地tatata gttgtgagaa acctctttc 1020
ttt当地aaatcc acataatcac aagaaaggaa agaattacag tt当地gactgat tggacatgt 1080
ccttgc当地tc ct当地ttggaa caccggctgt tggactgat accttataac acttagccac 1140
ttctccccac cctccagaag ggtccacgt tgaattctga atcatctga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaaattt gcaatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaaa caaatctgtt 1260
ttataatcac agattttag acaaatttct tggatcgaa agaaatacaa attttgc当地t 1320
gttctcaag cagtttctt gaggatttc tgaggaggaa caaatttacaa gtgtacccaa 1380
taactgaaaa tggatctact cactctcatt tgtaagcagt ccacatgtt gacaatgggt 1440

```

tttccaaggct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaacttgcgt gtatcatatg tgattttgaal1560
atgaacaccc tgaatagcac taattttat ttgtggatt tttctataac aaaacaagta1620
gctcttaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaatatttt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtgggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat acttttgc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgtt aatgaacaal1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
caaactttt catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatccctt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac
2006

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag 120
aacaggagca gccacagcca ggagggagag cttccccaa gcaaacaatc cagagcagct 180
gtgcaaacaa cggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt 240
cccgaggccc acggtggtca tggctgccag agcgctctgc atgctgggc tggtcctggc 300
cttgcgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtggccctg tctgcaaacc agtgtgcccgt 360
gccagccaag gacaggggtgg actgcggcta ccccatgtc acccccaagg agtgcaccaa 420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtttca agccctgca 480
ggaagcagaa tgcacccct gaggcaccc cagctcccc cggccgggg atgcgaggct 540
cgagcaccc ttgccccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcatctcag ctttctgtc 600
ccttcgtcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660
aataaaggctc ccatgctcca cccgaggaca gttctcggt cctgagactt tctgaggttg 720
tgctttatcc tgcgtgcgtc gtggacagcg ggaggggtgca agggggagagt ctgcccaggc 780
ctcaaggggca gaaaaagact ccctaaggag ctgcagtgc a tttt 834

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

cgggAACGGG CGGGACGCGG CTGCGCCGGC GCGTCGAGGG GAGAGGCAGC AGCCGCGATG 60
GACGTGTTCC TCATGATCCG GCGCCACAAG ACCACCATCT TCACGGACGC CAAGGAGTCC 120
AGCACCGGTG TCGAACTGAA GCGCATCGC GAGGGCATCC TCAAGCGGCC TCCTGACGAG 180
CAGCGGCTGT ACAAGGATGA CCAACTCTTG GATGATGGCA AGACACTGGG CGAGTGTGGC 240
TTCAACAGTC AAACAGCACG GCCACAGGCC CCAGCCACAG TGGGGCTGGC CTTCCGGGCA 300
GATGACACCT TTGAGGCCCT GTGCACTCGAG CCAGTTTCCA GCCCGCCAGA GCTGCCCAGT 360
GTGATGAAGC CCCAGGACTC GGGAAAGCAGT GCCAATGAAC AAGCCGTGCA GTGAGACCCC 420
CAAGAGGCC C ATTCCCCCA ATAAAAGAGA TTTGGGAGTC TGACAAAATG CTGCTCTTT 480
TTCCCGCCCC TCCCTGGGAT GGGTCCCACT CCCTGTGGC TCCTTTGGG GCTTGTGCTT 540
GGCAGTTCT GTGCTGTCT GTCTCCCAGA TCCTGAGACC CTGGCTGAGA ACTTGGCCCA 600
GCTGCTGCT TAAAGGCACC ATGGGGACCT GGGTGCCT CAGACCCAAG CCATTGTTAG 660
CAGCTAGCCA GCCACACCAA CCACGCCAGG GGGAGGAAAG GGAAGGAATG GGAGAGACAC 720
AAAGACCAGA GCCAACCTCA GGGACAAGAG ATTCCAGTGT GGCCT 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttcctcct ggtcggcggc tgcagcgggg 60
tgagcggcgg cagcggccgg gatccttga gccatggggc ggcgcgcga cgccatcctg 120
gatgcgtgg agaacctgac cggcggaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
gtggccgtgc gcgagggtca cgggcgcata cggcggggcg cgctgtgtc catggacgcc 240
ttggacctca cgcacaagct ggtcagctc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
gctaacgtgc tgcgcacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggccggccacg 360
caccagggtcttggagccgc gccagctggg atccaggccc ctccctcagtc ggcagccaag 420
ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgtta tcgcgaggtt cacaacgtt 480
gagtggctgc tggatgtct gtacgggaag gtcctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
cgggccgagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctt tcagtttac accaggctgg 600
aactggaccc gcaaggactt gtcctccag gccctaaggg agtcccagtc ctacctggtg 660
gaggacctgg agcggagctg aggctccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
cccaccaaat catcctgaat ctgatcttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2327 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa 60
aaaaccagca actgaagtgg acccccacaca ttttggaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttggga gaggggccact ttgggaaagggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaagggac 180
caatacaggg ggcaggtgg ctgttaaattc tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggatt aagctcatca tggattttct 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420
gcagctaaaa tatgccgttc agattgtaa ggggatggac tatttgggtt ctcggcaata 480
cgttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ctttggtagt agtgaacacc aagtggaaaat 540
tggagacttc ggttaacca aagcaattga aaccgataaag gaggattaca cccgtcaagga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaattttta 660
tattgcctct gacgtctggg ctttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccattgg ctgtttccct gaaaatgata ggcggaaacc atggccagat 780
gacagtaca aagacttggta atacgtttaa agaaggaaaa cgcctggcgt gcccacctaa 840
ctgtccagat gagggttatac aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagctt cagaaccttta ttgaaggatt tgaagcactt taaaataaag aagcatgaat 960
aacattttaa ttccacagat tatcaagtcc ttctccctgca acaaagtccc aagtctt1020
ttaaaaattt ctaatgaaag aagtttgggt tctgtccaaa aagtctactga actcataactt1080
cagtagatatac acatgtataa ggcacactgt agtgcattaaat atgtgttaagg acttcctt1140
taaattttggt accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt1200
aagcacttcc ctttggaa agaatatacc accatttcat ctggctagtt caccatcaca1260
actgcattttc caaaagggggaa ttttggaaaa cgaggagttt accaaaataa tatctgaaga1320
tgattgcctt ccctgttc cagctgatct gaaatgaaaa gctggcacat taatcataga1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagttt ctatacagta ctagaccatg1440
cattcttaaa atattagata ccaggttagta tatattgaaa ctgtacaaaa atgactgtat1500
tctctccacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctctg ttccttggg1560
tgatcacttag caccctttt tgagaaagct ggttctacat ggggggatag ctgtggaaata1620
gataatttgc tgcatgttaa ttaatttca agaactaaggc ctgtgcccgt gcttccttaa1680
gcagtataacc ttaatcaga actcattccc agaacctggg tgctattaca catgctttt1740
agaaacgtca atgtatatacc ttttataactt ctaccactt gggcaagctt attcacgac1800
tggtttggaa tgctgtatgc aaccagttc aataccacat acgctgcact gttcttagag1860
ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gtttttacca tcaatcatca1920
ccctgtgggtt caacacttga aagacccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta1980
gacagtttc agtttgcattt gaggtatgtt ggtatcaaa aatgttttagt cattgattca2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaaa tcttttgggtt atgctgttta2100
gtattcggtt gatattgtta ctttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagtg2160
gcagcaatga agttgccatt taaattgtt catagcctac atcaccacagg tctctgtgtc2220
aaacactgtgg ccactctata tgcactttgtt ttactcttta tacaataaa tataactaaag2280
actttaaaag agaagagaaaaa aaagaaaaaaga aaaaaaaaaaag ggggaag 2327

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH-NEIN

(iii) ANTI-SENSE · NF1

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```

ccgggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgctccct ccccgcggc cgccgcctct 60
ctggttgtg cggccgtcgc aggtcgagg cctctttgtc agctggagtt gcgcgggctg 120
acgcgccact atgttagcggg ttccgggggg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctcagt 240
tcttagcgca ggttgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300
gtatttcaat tgacttaagc caactatccc ttcaagtaca atagggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtaactaa ttgttagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggagcta 420
gagcagtgac aatgctggtg gcaacaggggc agtgttagcag gtgcgttcatg ttcacccccc 480
caacctttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tggtagggac aggctgcccc 540
aggaccactc cgcccccgct aactcaatgc agctgaccct taccctgaat actctgcagc 600
tgcatccctg aaccgttata taggcgttat agcaaggta ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggcacggggg aggtcatgag aaacgtggat tacacccct tggtaattcc 720
tattttcaca agataatata ttgttaagccg gtcatgagat tatatgtggt aaagtttaatt 780
gactaacaac cccagggctc ctctcccccata tataaaccctc tcattttgtaa agctcaggc 840
tgccacccctcc gactgggtga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a 911

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 595 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

cccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggccgcgtc aaaggtgaag caggacatgc 60
 ctccgcccggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgccgcgt cgaggactgt 120
 cgggctacag catgtggcc atagggattt gaaccctgtat ctacgggcac tggagcataa 180
 tgaagtggaa ccgtgagcgc aggccctac aaatcgagga cttcgaggct cgcacatcgcc 240
 tggtgccact gttacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgctt cgggagaacc 300
 tggaggagga ggccatcatc atgaaggacg tgcccactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360
 tccacacaac cgcgtgggt ccccccttga tcggggagct gtacgggctg cgcacccacag 420
 aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtggtacac gttaggcctg tgccctccgg 480
 ccacctggat ccctgcccct ccccactggg acgaaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
 aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaagggaga gagtggggcc ccgta 595

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 886 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

ctcagtattt agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
 cctgtcagag gccgattgtt agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtgtcaacta 120
 gcaactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacaccc caagtcttagt cggcgagcag 180
 gtcacaagct acctaactaa gaagtttgcgtaa gaactacgca gccccatga gttcaaggtg 240
 tacatgggcc acgggtggaa gcccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
 gggagaagag ccatgaagac agttttgtt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
 agtattcccg tgacccgttgc ctttcaggag gccacggca agaacgtcat gctgctgcct 420
 gtgggggtcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
 atagagggaa ccaagatgtt ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
 gccaaggccct ctgtgtgcct tctccaaatgtt gaagggatcc tggccctcacc tcaccctttt 600
 ccaacttgcc cagggaaatgtt gaggttccctt ctttccttcc cctcttgcgttca ggtcatccat 660
 gacttttagag aacagacaca agtgtatccca gctgtccacg ggtggagctt cccgttgggc 720
 ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggtt agttctcaga gtggtcagga 780
 tggcttgcacc tgcagaagat acccaagggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagtctgg 840
 ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

ttaaaaaaaaaa aaccgcctgg tcttggggtc cattaaaccc atggaaacttc actatccccca 60
gttagccgtc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
ggttcaggcc cttataaaag tggtaattatg tattaccagc aggggtgttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240
gcccatttt gtaaaaactgc agtcatctg gacctttaa aacacaaatt ttaaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgtttt gattacagca 360
gataatgctt tcttttccag tcgtctttga gaataaaagga aaaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggtttgtg tagcatcttgc tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgactttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaaattt ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaat tttctgtgag cacactaaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
attttgtgtg tttttttatg ttctataat actgagactt cttagtctta ggttaatttt 660
taggaagatc ttgcattgcca tcaggagtaa attttattgt ggttcttaat ctgaagttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca ttttagtttc atttaagaat tgaacataat 840
tatttttattt gtagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
acctaagact attaaatgt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
ggtccagaaa caaattttaa actgagtgag agtctataga atccatactg cagatgggtc 1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtga ttacctgcata ttgtatggc 1080
tttagtgcttgc gctaatttcc aaatttattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacaggtt 1140
tatgtaccaa agtaatggtg ttgaatggat gatgtcagtt catggccctt tagcatagtt 1200
ttaagcatcc ttttttttttga aaagtgttga aagtgtgttgc gcatcttgc actcaaagg 1260
taagacagac aataatactt cactgaatat taataatctt tactagtttgc cctcctctgc 1320
tctttgccac ccgataactg gatatctttt cttccaaagg accctaaact gattgaaatt 1380
taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgc gtttttggat 1440
agtgtgcagt tttaggggtca tgataaaatca ttgaaccaca tggtaacaa ctgaatgcca 1500
aatcttaaac tcatttagaaa aataacaaat taggttttga cacgcattct taattggat 1560
aatggatcaa aaatgtggt tcattgacctt accaaacacc cttgctacta ataaaatca 1620
ataacactta gaagggatgt tatttttagt tagggttct tggatcttgc ggtatgttgc 1680

aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaagg actgatttat gggctttcc tatcttaacc1740
 aacgtttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
 aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgtagcaa1860
 ctgttatata ttgctaagtt ttgtcttta acagctggaa tttattaaga tgcattattt1920
 tgatttatt cactgcctaa aacactttgg gtggatttga tggagttggg ggattttcct1980
 ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agtttgtac atcatgttt2040
 ctaacggaaa aaaatgttaa tatggcttt ttgttattact aaaaatagct ttgagattaa2100
 gaaaaaataa ataactcttgc acagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
 gtataatggc atttgcgtg gttacaaaat acttcctctg gttataata atcatttgat2220
 ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagtga tataaaaaaaa aaa 2273

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

gctctctgct ccgggtgcagg cgcgcaaggc gcccctggct gggagcaacg cgactgaccg 60
 tggcgtggg cggacggcggt ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgctgtg ggtcgcaac 120
 agagcccccggg acgtgcgcgc ttgggtcactg atccctgaagg ggagctccga gggggcccccggg 180
 tcgcccaggc tgctgcggcc attcccccggag cccggcgcgg ggcccccggag atactggttt 240
 agggccgtccc agggctccgg ggcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300
 gggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc cccgaaagtct tcctcggggca gcaggtggga 360
 agtggggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgcg ggtcggcacc atgcgcctcg 420
 cagccctgcg cggggccctg ctgggctgc tctgcctggc gttgctttgc ctggggcggtg 480
 cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaaact aattatggtt cagcaactggc 540
 ctgagacagt atgcgagaaaa attcaaaaacg actgttagaga ccctccggat tactggacaa 600
 tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtatag atcgtggccc ttcaatttag 660
 aagagattaa ggatctttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcaactcg 720
 ttcccaatcg cagccgcttc tggaaagcatg agtggaaaaa gcatgggacc tgcggccccc 780
 aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
 agctggaccc caacagtgtg ctctaaaat tggggataaaa accatccatc aattactacc 900
 aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataaccc aaaatccagt 960

gccttccacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg ttagatagaa ctgtgcctca1020
 ctaagcaaga ccagcagctg caaaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc1080
 aggaagtctg gctggcaaatt ggggcccggc agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
 gcccagtctt ctatccccca cctaaaaaga ccaagcattt atgccaagt tttggaaata1200
 ttctgtttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaal260
 gtgaagtctg ttatatttc tggttccctt ccatgcctgt gaattgggtg ttgtggtccc1320
 ttagagtga gtgcattgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
 tttttgggc ttgggataaaa gtcgcgggatggg tttttctctt gttaaactct1440
 tcagtgcggc ggtagatcag gcagggatata ttgggattt aacaggtggc accggttcag1500
 ggggactccg ctgggcggag gttttcccccc ttggagccgg cttgcctgct ttggggaaagg1560
 ggcctggga aggc 1574

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

ccggagtgtat ttaatcggt tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60
 ggtgtgtgtg ccgctgcccgc ggcaccggc agcctcgta gcctgcgcag cccctcacag 120
 gaggcccagc ccgagtgca tccagaagcc ccccaagcgg aggcccaaga gtaaaagagc 180
 aagctttgtt gagataatcg aagaactttt ctccccctt tggttgg tgggtgcca 240
 ggtactgggtt ttggagaact tgcatacAAC caggattga ttttaagat gtctttttt 300
 atttactttt ttttaagca ccaaattttt ttgtttttt ttttctccc ctccccacag 360
 atccccatctc aaatcattct tttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420
 ctcttcctc tgccttgttt ctcttttattttt ttttattttt tcgcatttgcatttattttt 480
 ttgcatactt tgcatttttta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
 ccatatatga aggatgggg tgggtcaaaa agggatataa aatgaagtga taggggtcac 600
 aatggggaaa ttgaagtggc gtataacatt gccaaaatag tgcacta gaaatgggtgt 660
 aaaggctctt tttttttttt ttaaaagaaa agttattacc atgtatTTTG tgaggcagg 720
 ttacaacact acaagtctt agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780
 ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaact 840
 tttcactttat ctcattgttag ctgttaccagt cagtgattaa gtagaactac aagttgtata 900

3070

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK

- (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH-NEIN

(iii) ANTI-SENSE· NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggcggcgggg aggggggggg cggatcgccc gacagcgcc tggctaactc ctgccaggca 60
gtgccttc cggagcgtgc cctcgccgt gagctcccct gaacagcagc tgcagcagcc 120
atggcccccgc cctgggtgcc cgccatggc ttcacgctgg cgcccgaccc ggggtgcctc 180
gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgctggt acggccggct gcagaagccc 240
tcgtggcacc cgccccactg ggtgctggc cctgtctggg gcacgctcta ctcagccatg 300
ggtaacggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtggtt 360
ccctggggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggccccc catcttcttt 420
ggtgcggcggac aaatgggctg ggccttgggt gatctcctgc tggtcagttt ggcggcggca 480
gcactaccgt ggccttggta caggtgagcc cgctggccgc cgcctgttc tacccttacc 540
tgcctggct ggccttcgca accacactca actactgcgt atggcgggac aaccatggct 600
ggcgtgggggg acggcggctg ccagagttag tgccccggcc accaggaaacttgcac 660
cagcaggtgc catcacgtt gtatgtggt ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
gctagtctgt cagggccttg gcccagggt cagcagatgt tcagagggtt ccccacctga 780
gcccccaccc gggagcgtg tcctgtgtt tctgcatgt tagagcatgt tcttggaaaca 840
tggatattta taagctgaat aaagttttt acttccttta aaaaaaaaaa 890

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 693 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

cgtcctttca tccgggcgtt tgcctgcagc aagatggcgg cggctcaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cgttgtggcg gagaaggcgta gtggctgttag ctgccttc cgttccagg 120
gttccgacca ggtcgttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga taaaaaattt gatatcacta cttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttttccctg ctcgcaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttata ccagggagcg atggaaaat 360
ccttgatgg gttggcatac aacggctgtat cccttatcca acatggttct aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
agaagggttc caaaacccaa gtccaaagtct tatggtgcaa acttttcttga aacaaaaga 540
acaagagatcc acacaaaata gttggact gactatatct ctgcttgact gtgaataaaag 600
tcagctatgc agtatttata gtccatgtat aataaataca tctcttaatc tcctaataaa 660
ttggacctt aaactacaaa aaaaaaaaaaaa aaa 693

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1054 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagatctcc acgcggccgg aggatctcg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120
ccgagtggggt caagtggagc tggggccagc cggcgccgc agggtccgc gctccctccgg 180
gacgcctctc tccctcagca ccgacactcc gtcacccggg accccctgca cccctacgccc 240
gtcccccggc agtcctccat gccccagtcg cgcacaacggc tcgggctcg ctcgcgcgc 300
cgccaggggc ctgcccctct agtcctgggt cgccgcctcg cccatggggt ctcaggccag 360
gtctctgtcg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccaagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgccccctgag ctcccaaggt gaccccttca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgggtgcct gctgaagtga tcacccccc ccccccagccc tgcacatcaggc 540
cacaggtctt ggcttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcaggaaat 600
cccaaggcccc cccgccaagt gtttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660
ggcattaaaaa cgttgc当地 tcctttactg ttatcccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtcagttt tactccctaa cccgtttccc gaaaaaggtg ctacccctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactggc tctccctccc ccagcctgga 840
gcacggggagg ggaggtgacg gctgggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gtcctgcag ctttgcgcgt gatgttagga 960
aaaacaggca tgacagacca gggtgaggg tggcccagc tggccacgg ccatgcgtgg 1020
ggcccaaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa 1054

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```

aaaaatattt gctggaaagg acgggtggag gattacaggc gtgagccact gcgcggcc 60
acattcagtt cttatcaaag aaataaccca gacttaatct tgaatgatac gattatgccc 120
aatattaagt aaaaaatata agaaaaggtt atcttaata gatcttaggc aaaataccag 180
ctgtatggc catctgatgc cttcatctgt tcagtcatct caaaaacag taaaataac 240
cacttttgc tggcaatat gaaatttta aaggagtata ataccaaatg atagaaacag 300
actgcctgaa ttgagaattt tgattttta aagtgtgtt ctttctaaat tgctgttcc 360

```

taatttgatt aatttaattc atgtattatg attaaatctg aggcagatga gcttacaagt 420
 attgaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaagttatg catgatgtaa aaaatacaaa 480
 cattctaatt aaaggcttg caacacaaaa gaaagaaaaa aagaaaagaa aaggaaagg 540
 g
 541

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

cggtcgagg ccattcacca acccgccccg caaggacgga gcaatgttct tccactggcg 60
 acgtgcagcg gaggaggcga aggactaccc cttgccagg ttcaataaga ctgtgcaggt 120
 gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgatgtt ggactaaggc 180
 agaaaactgac cacctcttg acctcagccg cccgtttgac ctgcgttttgg ttgttatcca 240
 tgaccggat gaccaccagc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300
 ctaccacatc tgtgctaagc ttgccaacgt gcgggctgtg ccaggcacag acctaagat 360
 accagtattt gatgctggc acgaacgacg gcggaaggaa cagcttgacg gtctctacaa 420
 ccggacccca gagcaggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480
 ggcggaaag aaggagcggg agaaacgcac ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540
 agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agctacccca 600
 gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcataagt ttccagactt 660
 caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaagct ctgtggaca 720
 gaagaagatc aaggccctgg aacagatgtc gctggagctt ggtgtggagc tgagcccgac 780
 acctaaggag gagctggc acatgttcaa tgagctgcga aggacctgt gctgtctac 840
 gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
 gaggcactgg cccggctgg tggcttaggg ggcctgcca caccagcatc aggcccaggc 960
 ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgaccc caaggacacc 1020
 atcattgtatc tggggcgc acccctcact cccaaatcga gaaagcgaag ggagtcggcc 1080
 tccagctcat cttccgtgaa gaaagccaaag aagccgtgag agggccacg gggtgtggc 1140
 gacgctgtta tgtaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaaa
 1187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2281 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

ggtagaaagt cggtagagcc agaaaactcac tttttagatgtt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
ctggattctta aatcgtgccc ttttattccct gcagccctga agttcagtc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaccc ttctcctcca ccaagtccctt 180
ctcagaaat caaccttggc ccgtcgatcca atcctcatgc taaaccatct gactttcaact 240
tcttggaaagt gatcggaaag ggcagtttg gaaaggttct tctagcaaga cacaaggcag 300
aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaaagc aatccctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaaatgttc tggttgaagaa tgtgaagcac ccttcctgg 420
tggcccttca cttctcttca cagactgctg acaaattgtt ctttgcctta gactacatta 480
atgggtggaga gttgttctac catctccaga gggaaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
gtttctatgc tgctggaaata gccagtgcc tgggtctaccc gcattcaactg aacatcggtt 600
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgacact gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
ggtaggtgcct gggagctgtc ttgttatgaga tgctgtatgg cctgcccct ttttatagcc 840
gaaacacagc tggaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaaattc cgcaagacac ctcctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcgc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatata agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact1020
ggatgatct cattaataag aagattactc cccctttaa cccaaatgtg agtgggccc1080
acgacctacg gcactttgac cccgagttt ccgaagagcc tgcctccaaac tccattggca1140
agtcccccga cagcgtcctc gtcacagcc gcgtaagga agctgcccggag gctttccttag1200
gctttcccttca tgcgcctccc acggacttcc tcctctgaac cctgttaggg cttgggttt1260
aaggatttttca tggatgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttggtaggg cggccagctg1320
caggacatct tacaagagaa ttgcacattc tctggaaagct tagcaatctt attgcacact1380
gttcgctgga agcttttga agagcacatt ctcctcactg agctcatgag gtttcattt1440
ttattcttcc ttccaaacgttgc tgcttatctc tgaaacgagc gtttagagtgcc cgccttagac1500
ggaggccagga gtttcgttag aaagccgacg ctgttctaaa aaagggtctcc tgcagatctg1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc1620
caaagctttt cctatcgcag tggtttagttt ctttattttc ctttgcgttggat atgctgtgtgl680
aaccgtcgtt tgagtgtggat atgcctgatc acagatggat tttgttataa gcatcaatgtl740

gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgtt cttccatatt tggaaagataa 1800
 atttatgtgt agactttttt gtaagataacg gttaaataact aaaattttt gaaatggct 1860
 tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaataa tttctatttt 1920
 tagaaaagggt ttttatggac caatgccccca gttgtcagtc agagccgtt gttttttca 1980
 ttgtttaaaaa tgcacccctgt aaaatgggca ttattttatgt tttttttt gcattccctga 2040
 taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa 2100
 acttacaggc ttatttgtaa tggaaaccac cattttatg tactgttaatt aacatggtaa 2160
 taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acacaactt ttttgggt gataaaactga 2220
 ttttggtttgc caataaaaacc ttgaaaaata tttttttttt aaaaaaaaaa gggcggccg 2280
 c
 2281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1759 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

gcggcggcgg ttgaactgac tcggagcggag gagacccggag cgagcagacg cggccctggc 60
 gcccgcctgc cgcactcacc atggcgatgc atttcatctt ctcagataca gcggtgcttc 120
 tggttgattt ctggagtgtc cacagtctg ctggcatggc ccttcgggtg ttgggtgctcc 180
 tgcctctggc tgcgttatgat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
 tactggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgcagagaca gacggggact 300
 ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaacccacca caggtggat ttgtgtcact 360
 ttggccagtc tctaattccat gtcatccagg tggtcatcgg ctacttcatc atgctggccg 420
 taatgtccta caacacctgg attttccttg gtgtggctt gggctctgct gtgggtact 480
 acctagcttta cccacttctc agcacagtt agctggtgag gaacgtgcag gcactgaggc 540
 tggagggaca tggagcccccc tcttccagac actataacttc caactgcctt ttctctgtat 600
 ggcttattccct ccaccttattt cccagccccct ggaaactttg agctgaagcc agcaattgtt 660
 ccctggagtt cggaaaggcat tgcagcaacc ttccctctca gccagcctac atagggccca 720
 ggcattggctc tgcgtttaa gacagctgtt gtgacccaaag ggagaatggg gataaacagg 780
 gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctc当地accat gaatttccaa 840
 agatttcaag ccagggagaa gggttcttgg tgatgcagg catggaaacct ggacaccctc 900
 agctctccttgc ttgtgtcctt tatctacagg agcatecccc attggacttc ctgacccctt 960

ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcctttctc caccttctg ccttggAAC1020
 acatgaagat catctcgct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tattttccc1080
 attgaactcc tagtggcaa tttgcacat tcataaaaaaa aaatttttaa tgaaaatgatt1140
 tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagaccta tttcccttc ttggggagag1200
 aataagtgac agctgattaa aggagagac acaggactgc tttcaggctc ctggtttatt1260
 ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320
 tggccgtggg tgtctggaa gctttcgat gcctcaatgc cttcccttat cctcatctt1380
 cttctatgca gaacaaaaag ctgcataa taatgttcaa tacttaatat tctctatTTA1440
 ttacttactg cttactcgta atgatctagt gggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
 tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacatTTT1560
 tgagtttagat gggactctc ggatagttga acctttcac tttataaaaaa aggaaagag1620
 gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagatttagat gaaaagatgg ttgtaaGCTT1680
 tgggaattaa aaacaaaacaa atacatTTA gtaaatatat aaattttaaa tagaaaaaaa1740
 agaaaaaaagt agcaggggt

1759

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

ggtctacctc tggggataac cgtcccagg tccagagaaa caataacgtc attatttaat 60
 aagtcatcg tgattggtcc gcccctgagg ttaatcttaa aagcccagg taccgcgg 120
 aatttatgtct gtccggcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctggc 180
 tgcgcgctt cgcttcgctt cctggccctc gttcctggg acatccctgg ggcttagagca 240
 ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atggctggc tgcactggg ggcgttcatg 300
 tgcacacccctt actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360
 atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420
 gatgactgtt ggtatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcg 480
 cgctttccctc atgggattcg ccagcttagt aattatgttc acagcaaagg actgaagcta 540
 ggattttatg cagatgttgg aaataaaaacc tgcgcaggct tccctgggag tttggatac 600
 tacgacattt atgcccagac ctttgctgac tggggagtagt atctgtctaaa atttgatgg 660
 ttttactgtt acagtttggaa aaatttggca gatggttata agcacatgtc cttggccctg 720
 aataggactg gcagaagcat tttgtactcc tttgtgtggc ctctttatgttggccctt 780

caaaaagcccc attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840
 attgtatcatt cctggaaaag tataaagagt atcttgact ggacatctt taaccaggag 900
 agaattgtt atgttgctgg accaggggg tggaatgacc cagatatgtt agtggatggc 960
 aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg ccctctggc tattatggctt 1020
 gctcctttat tcatgtctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agcttcctt 1080
 caggataagg acgtaattgc catcaatcag gacccttgg gcaagcaagg gtaccagctt 1140
 agacagggag acaactttga agtgtggaa cgacctctc caggcttagc ctgggctgtat 1200
 gctatgataa accggcagga gattgggtgga cctcgctt ataccatcgc agttgcttcc 1260
 ctgggtaaag gagtggcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagcttcc cccgtgaaa 1320
 aggaagctag gttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc 1380
 actgtttgc ttcaagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat 1440
 gtttaaa

1447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

ggagtcccttc ttgctcaccc ttgacttggaa aaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60
 taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctctttcc 120
 agctacctt actccctctc cttcaattcc actttcctt gcttactttt ttttttttc 180
 tgacagggtc tcactttgtc gcccgggcaag gagtgcagt gctcaatctt gggctcactg 240
 cagcctcaac ctcccagagg cggggtttca ccatgttgcc cagactggtc ttgaactcct 300
 gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
 ccgcattccgg cctcatgttc ttttcattt aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
 cccacctttc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgtttat 480
 ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggccctggc 540
 agccaccggcc accaccggcc cgcaccac cgtagcagca gcagcagcagc cagcagcagc 600
 agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
 caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tggcagatt 720
 gggaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttctttc taaaattgtat gctatgaaaa 780
 tttgcgtttt ctgtacttg taaaaactaa aagtggcccg tctactgaaa a

831

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

acgaagctga ctctggcca ggccagcccc tggcccttta cccatacccc tggagctt 60
cgagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctacttc aagattccga 120
agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc agggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtctg 240
gcccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaaccttg ctttatgcac ctagatgtcc 300
ccagcaccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
agctcccttgg a tgggtccggg aactcgctt ggcacaagg gccaaaaggc aggcagctg 420
cccaggccct ccctccctgtc catcccccac attccctgt ctgtccctgt gatttggcat 480
aaagagcttc tttttttttt ggctaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa 528

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggctttgtcc tttgctcctg ctccccgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcaggttcc 60
tgatttggac agagggtgtgg ggccttcag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaatggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaaggtcgg gcccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggAACGGGT cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttccctt gttcttcaaa tcaggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tggtagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatgtccag gacaggagga tggaaatgaga tcccgagatc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccaggtga gtggctttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttggccctg gcgtttccta agtacgaaaa ggttttaag tcttcgaaca 720
gtctccttgc atgactttaa caggattctg cccctgagg tggtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaattt atcagaactg 840
ttaccaaaaa acaactgtca gttttattga gatggggaaaa atgttaaacct atttttatata 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggaggtttt aacagaacgt gtatattatata 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag attttgaat1020
ttaaaaaa
1027

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2160 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttcctcca agtgataatc cagatttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gattttgga gagccctgat 120
ttccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaaac aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttataat atgaaacaga acatttcaat ggttggctg aacttcttga aatatttagga 360
agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaattgaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagctttgt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgttgtac agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatttt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagaggtga tgtttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaaa ttgaagagcc actttcaag 660
cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat ttccagggtt cagaaaggc attgtacttc 720
tggaaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaatt 780
atgtttgcctt gtttgcataa aatttccaaa gaacactgga atccgaccat ttagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattgaa atgaatggca agctttcga tgaccttact 900
agctcataca aagctgaaag acagagagag aaaaagaagg aatttggacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac 1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaatg gccaataaaa aaaaagcct cccacctctg 1080
ccggataggc agagtttgc atgctttttt gaaatatgtaa aaaaattacaa aacaaacctc 1140
atcagtataa tataattaaa aggccaattt ttcttggcaa ctgtaaaatgg aaaaatata 1200
gactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagttt attgttaccc ttgtctaaatc 1260
attggattt ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaaatg aatgaattttt atcatctatg 1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattttt ctttgattgt 1380
gttgcacata gatatggtag tctgctctgt atattttcc ttttataat gtgtttca 1440
caactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaatact tcctaaaata aaactaagg 1500
atcatcctta cccttctctt tgtctcaccc agaaaatatgaa tggggggaaat tacctgcct 1560
aacccttccc tcaataaaata cattactgta ctctggatt taggcaaaaac cttaaatctc 1620
caggctttt aaagcacaaa atataaataa aagctggaa agtaaaccac aattcttcag 1680
attgttcctc atgaatatacc cccttcctt gcaattctcc agagtggtaa cagatggta 1740
gaggcagctc aggtgaattt cccagcttgc ctctcaattt attccttcctc ttccctctca 1800
aggctgaagg caggccctt ccagtccca caacctgtcc ttcacctagt ccctcctgac 1860
ccaggatgg aggcttgag tcccacagtg tggtgataca gggactagt tgcactgccc 1920
tggctttatt taaaggaact gcagtaggtt tcctctgttag agctctgaaa aggttgacta 1980
tatagaggc tttgtatgttt ttacttggtc aagtattttt cacaatctttt gttatcagag 2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt 2100
cattggggga ttgagcagca ttaataaaag tctatgtttt taaaaaaaat 2160

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 642 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

```

cgacggggccg cgcgcctggc gcatgcgcgc cgccgaccac gcctaaatag ccgcagcctc 60
tgcgcgtcgc cctccacggc taccggcgt ctccgcccct cttctcgcg gcgcgtcagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcgtgg tgaagcggtt 180
ggtaaaagaa aaagtatgtt atgaaaaaga ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacgggtg aaaattatga cattaaaaag caggcagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatcccag attgccagcg caggttggaa gcccgcattt tggatcttca 360
acggatacta gaaaatgaaa aagacttggg agaagctgag gaatataaag aacgcacgttt 420
agtaactggat tcagtgaagt tagaagcctg aaactttct cgtatgggtt ggttttgca 480
tttaatcctg gggccattt tacaatccat tattttgac cactgctaat tgggtcaag 540
gagggtatggg gaattgtcga ttgggttta gctggttaca atataagatt cgttgcgtt 600
atttgacaat gcaaaaaaa tggggccacc cgataaaaaa aa 642

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1415 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

ggcatctggc agaggggggt ggggctggc cagctgggt agagcggagg agcgggtgcc 60
ggctgaagcg gggcggtggg cgcggagcga atggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgccggacagt cagggcgcag gtgggcagcg 180
cgcacggcct gccagcccg ggcgccagaa tcctgcgtg cggggccgag aggggcgcg 240

```

cgcccggcgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
 ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgtcgga gaagcgcagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
 gaagcggAAC gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
 ggccggccggc ccaaggagct cagcttcgccc cgcataagg cctggagatg cgtggagagc 480
 accggggcgc acatctactt cacgctgggt accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
 gccccctgga agatccccgc tggAACGCC agatcaccct aggccctggtc aagttcaaga 600
 accagcagggc catccagaca gtgcgggccc ggcagagcct cgggaccggg accctcggt 660
 cctaaaccac cggggcgcacc atcttcctt catgctaccc accacccatc tgctgaggc 720
 aaggcagctt cttgttccc tctggcttgc gggggcacgg ctgtgctcca tggggcaagg 780
 tggaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gcccgggag 840
 gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
 ctcaggacat gcccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctata tggcatgagg 960
 gggagctggc ataggagccc cttccctgtc gtggcctgc cctctgtcct gcagactgt 1020
 cttagcccccc tggcttgc ccaggcctgg aggaggcgag tccccatgg ggtgccgagc 1080
 caacgcctca ggaatcagga ggcagcctg gtacaaaag gagtaccagg ggctggta 1140
 ccaggcccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta 1200
 aagcccactc ctgggggtct cttgtgtttt aggtccctttt gggaccccca cccatccagg 1260
 ccctttctt gcacacttct tccccccaccc ttagcatct tccccccact gcggtttcg 1320
 gcctgaaggt ggtgggggtg aggggggggtt tggcatttag catttcatgt cttccccaa 1380
 atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa

1415

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

gcgcaggcgc agtggtgagc ggcaacatgg cgtccaggc taaaggcggt gcccgtggaaa 60
 gtgggggtcc gcagccggc gatccccca tccagcgcga cgagggagag gaaaaagaag 120
 tcgaaaatga ggtatggagac gatgtatgaca gtgacaaggaa aaggatgaa gaggacgagg 180
 tcattgacga ggaagtgaat attgtatgg aagcttattc cctatcagat aatgattatg 240
 acggaattaa gaaattactg cagcagctt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300
 taacagatct cttatcaa cagaaccata ttggggatgtt gattaagcaa acggatgtt 360

cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgagggttt tggtttcata agcctttaa 420
attnaactga aagaaagggt acccaagtgtg ttgaacaaaat tcaagagttt gttctacgt 480
tctgtgaga aactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt ttaaatgaca 540
ccaccaagcc tggggcctt ctcctaagtg aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600
ctctgccccat gtaccagcag cttcagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660
catgtggaa gtgctacttt tacctctga ttagtaagac atttggaa gcagaaaaaa 720
acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaaa agaaagctgc gtaatgttt gcaaattgcag 780
aggaaagaatt ttcttatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggaggaga 840
gacacttg tctgggaggc aaatgtctt ttgatgacgt accaatgacg cccttcgaa 900
ctgtgtgtt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatac 960
tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatggctt tttttaaa attaccagaal020
aactcagtgg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagttt ctctacaaaal080
agtaggttc tgcctcatgt gtctctgaca catttacaaa ataccagttt tttaaaattt1140
tggtcaattt atgagtgggtt gattttttttt ctttccaag aagaagaaaa gcatggagtc1200
gtaattttaa gaactcaata aaaaacttcta tttttttttt taaaataata tacacagttt1260
tattttcttc aagaccgtcc tggatgtg aaatccgtt tcgcgtcatg tatctccat1320
atccagcagt tcagccatcc agtacccctt gggaeccctgc tgccaccttgc gtttgcgtgg1380
gagtcactgg agagtgcattc tctgttca gtttccacaca tttgctgttc1440
cttatttattt gttgacacag gggataggtg atccactact tgctgttagaa tgccttact1500
ttcacttagga ggcagattac taaaatagta ttgtggtacc agctgcataa atagttcagg1560
agagatttct gaggtaatcc tggatgttagt gttctcagaa atgctgaatt tatgaaagag1620
gaccctcttgc ggcatttttgc tggtgattga gtaaccagac aggggatgca gctgagcaac1680
ctgttatgtt gtcagcatttta agtagttacc tgatccatca acatcccgag caatctgcatt1740
aaagtaaccg gacagaagag ctttctttt gtttagagtg ttttcccttgg agccaaaagc1800
aggttctgca tagggaaagct cgattcgctt gataatttttct aagagttcag ctcgaaataac1860
atctgcccattt ctgagtgctt aacagtttagt gaaatcaatca cgacaccact tttccacacal920
gtactcactg cttagaattca gagttgttc ttggtaagcc ttgttaatgc tgatgagggt1980
aaagtgtatct cttccggat gtaaaaatgt cttccaaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040
tccatgtggc acatgtggaa agcaattttgg agctgttacc atggccgcga ttgttagcac2100
ttcatctaca cagtcaattt cacaggacgc taagatagac ttggatcaag2160
aggaaactct gacatgtga ttccaaattt agaaagattt ccatcattat ccagtgcgc2220
cagataatct aagtcttca atgcctgcat caaactttctt ggtgtggc tgttcatgaa2280
gtcacagtgg cctaggcccg caatgtctat cctcttcata aaaagcacca tgcttggtag2340
gttggcttcc tgcatttctg ctggcttcag tggcgtcatg tctttggagg caaattcttc2400
agtgtacagg cagaaaaattt ttcctgaaga agatgagccca agaatctgtc tgcttatctc2460
tgcctggc tggctgatgg gtcgtatgc gagcggatgtt gctcttattc tcgggttgc2520
cacctttttt cttccacac ccacatcgat aacaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580
aaactcttca gagtagtag ttaacaccac tcttctttga taaacttggc atcttttttc2640
tgtttcatcg agtggcttga acaatgaaca ttctctttt ggataacaaag gaacaaccac2700
cagttcttca agatctgggt ttaggtttaga tccttgataag acagtttccac agactttctc2760
aatatctgt tcacaggcca gaaagactac aatgtcacct ttctcaccctt agtggtaat2820
ttcaaaagata aggctaaaa tagactaaaa agaattcctt tgagcctcac taaggtaacac2880
aacctccaca ggggttttat ttttcttccat tatgacagggc acgtttccat aataagaatt2940
gagtttgc 2949

2949

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
cctagaccgc tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggc gaggcgac 60
cgactgaaac ggcggccat aatacattgc gatggcgggt aggcggtgg gggcgagcc 120
agggccggaa gtagagcggg ggtgggtggc gcgaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatca gatgattctt cagaggctc tcagttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca tttgcggagg aacattgggt ttacagcagt ggcatttaat aagaacttg 300
atcctataaca gaaactcttt gtggacaaga tttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tggatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagctttta 420
agctcaagca aatgttggg aatgcagaca tgaatacatt tcccaccc 480
atcccaaatt tgaagtcatc gaaaaacccc aggctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgc cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcaaaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatggat gatgttggaa 660
aaaaaa 665
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

```

tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccctccat tcctgtactc 60
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct tttgccttt ggcttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttatga agtatctgct taaaaccctt 180
catcatgata tcctgtggat taaaaaactc taattccatg tttcttccc atctgcctta 240
tatatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttcatgta gcactattaa ctaaaatatg 300
aaacttaaaa acaaaaagcaa gttgtccctt aaagttctt ttttaagtaa attgttgaca 360
tactgcaaat tttctatgca aacttgcctc ctgctgttat ctgtgaagct caggaatcc 420
aaacatttgt gttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaatgcct 480
catagttctt aacctcaact tttgtagaag tattttttc tctgtatatt ttttattggc 540
tcataaaagat gtttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
acaaaatact ttttaggtag ccatgcttga gactttttaa aaatataact tttcccttaa 660
agtttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
caccctaga actttcagcc atgggtgtctt cagaatttga gcgcatttct gaatcttaggc 780
aaatcctcct tttacccgtt gaatgttttga aatgccttga ctctaccagc gcccataaat 840
gatctctagg aagggctgtt aggtaccaat tctgtttttt caactttgga aggtaaaaac 900
cccg
904

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tggggcgcc tgggtcagct gacccaagg 60
gccttcgagg tgccttaggc cgcttgcctt gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaaggtgtcc 180
gaggccccgca aaagaaaagaa cccgaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300

```

```

ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacaggat gaagtcttgg acaacctctt ggctttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgtgt ggagtggtt ctttagatgcc ctcacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatatgg cattaaatata ttccatata ttatataata ggtcccttcca 600
cttttggag agtagcaaattt cttagctttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catctttta cctcatattt ctttaggatt taatggttat atgttgcctt ttttccttat 720
gtctttggc tcaagcaaca tgtatatccat tggttactttt ttctttctta gatcttagttt 780
aaaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataattttttt 840
tccctaacac tttcttgaag gtcaggggctt ttatctatga aaaagttagt aatagttctt 900
tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagttagtcc attcttgcta atggttagaa 960
cagtgaatac tagtggattt gtttggctg ctttagttt ctcttaatca aaattactag1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgtt ttacttgggt tatcgataat cattaaaag1080
taaagactct gtcatgcaaa tttaacccca tattttttt ttccctgtct ccgtgacaac1140
cagtggttct tcatttttga tcattgcgaaa tgcatttttttgcgaaa cccagatggt ctgcagaact1200
tcacttagga cattagcaca caaatagoac acatatctt 1239

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 966 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

gccctgagga cccttagtcca acatggcggc gcccagcgg a ggttggaaacg gcttcggcgc 60
gagcttgg gccgcgtgc tccttagggc cgtggcgctg aggccggcgg aggccgtgtc 120
cgagccccacg acgggtggcgt ttgacgtgcg gcccggcggc gtcgtgcatt cttcttccca 180
taacgtggc cccggggaca aataatacgta tatgttcaact taccgccttc aaggagggac 240
caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcaact tcacctgcac 300
catctggagg ccccaaggaa agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360
gggcgtcgtgat attgagtgacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttggaaa gggaaagtga 420
tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gaccaaaaaca gcagtggctc acaggccccgg 480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540
gtgaccagca gccctgttgc ggggtggcacc ttctcatctc cggtaagct gaagggggct 600

```

```

gtgtccctga aaggccagca catcaactggt tttcttaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tgggctgacg ttgccttgc cggaggggct tgcagggtgg ctgaagccct ggggcagaga 720
acagagggtc caggccctc ctggctccca acagcttctc agttcccact tcctgctgag 780
ctcttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaaga gggtggggaa caagtggggg 840
ctattttgg gaaaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgcttttaatt 900
gggctgaaa ccttttttc cggttttcc ccagggggcc gtccttttaa attaaacttg 960
agaaag
966

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

```

taaagctgcg gcggccggttc gcgtttctcg tgtccgcttg actgacagct gcgcggcggg 60
agcgggcggc gcgagcggga gcggcggcggc cagagcttgg ggcttccttg gtcgcaccca 120
ccacctgcct gcccactggt cagccttcag ggacccttag caccgcctgg tctctttctt 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgcgtgcgc atggcgcgcg cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgccttc tggctggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgccac acaggggagc ttgcggcacgc tgccttc tttccgtcc 360
ctgtcggtct ccaacctgct catcatcacc ggccgccttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgcctcctgc tcactttctt ccgggtgctgc 480
tggttggagg ccaccatcgc catccttc ttgcgcctaca cggacaagat tgacaggtat 540
gcccagcaag acctga
556

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cgggggagtg aggagaaaagg gggggcttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
atggcggcag ccgaggccgc gaactgcac atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actactttga ctcctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgagggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaagggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gccggggccc gcaaggtcat cgggatcgag 360
tgttccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagg agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgt ggcctcatct tcccagacgg ggccacgctg 600
tatgtgacgg ccatcgagga cccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaaagacct gaccttcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaaat 840
gactacgtgc acggcctggc ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag1080
ctgtgcgagc tgcctgctc caccgactac cggatgcgt gaggcccggc tctccgc1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttccatg gcggtttcgg ggctccccct tcctctccct1200
ccctcccgca gaaggggggtt tttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg1260
actgtgtttt tcataactta ttttttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc1320
tggggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga

```

1349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2021 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :

```

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60
tcattcacac ccacgcccctt gcccaaggct gccccactta gagcgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccaccagaa cacttcttcc ctccttcagc 240
ccaaacccaaa ggctggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gtttaggttag atttgaagac gggcccagg 360
ctgggtatga acgggtgcag ccctcttctc ctcttcccccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttccctctca gggagcttca atggaaagg tctcgaaagc ttcaaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgtt acgatctcac cgtctcccaa cctcagtccc 540
tttttgaga gtgaatgggg gaggggtggga agggacccag atttgttagat ctctttgtct 600
gggggagggg aaggatgtgg tttgcagagc ggaagcagag tttggaaacg catgagagca 660
gagcttcgtg tttcccacc ctcagtgggg aggtgtgagt gggtgagcat gtggagttgg 720
gtgttcccac ctcagtgggg gaggtgtgag tgggggtgtca tatagaggca gtgcctgt 780
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcac aagggacccctg tcttttaggg tcatttcagc 840
cagctcctcc catcacagat gacagcttca agcctagaag gggctcaatg acagggccag 900
gacaagccct caggactgtg gcctccttgc ccttgggtcc cctgccccac aacatggct 960
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacgggtt gagtgcagg 1020
ctgtgcccgg ggtggggagggt tttctatgtt gcactgactt tcttagctca gagctgggtgg 1080
atccctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgttttc ctatttgg 1140
ggtattttcc ccctcaggct cttgggtctt ctgtgtgttcc aaggtgttcc gacccgggg 1200
ctgtgagggg gacccctgtcc ttgtttcccccc atactgagttt cttagggaggt gtcacccca 1260
gacttttagg aagggtcttag agaaatgaga ggagcccaag ccagggggca gctccgaga 1320
agggtaacct ccacgcttcc ttggaaatga agacaggttt tcaaaggcac 1380
aggctccccc tgccagcttc taggatcttcc tttgtgtgc aatggggccag ttagggtag 1440
gcagcttgca cccaggcttcc ttatctca acttatttttcc tttggggagag gtgccttagag 1500
ggattgaggt aacttcaact ggaaatttcca aggaagggtt gcaagtagcc ttggctctt 1560
ccacccatgt ccatcaggat tgagagtgtt tctagctccc gaccacttgc tcttgaccc 1620
ctgaaaagtt gggaaactgtg ggggtgccttc attccctttt gttcaatttc tccagctca 1680
cttgggactt ggggtgtggg actggagacc tcacccctgc tcccgtcccc cccccc 1740
atcccaacctt gtttccatgtt agcagaccctt tccttagggag caggggggg aagccacagal 1800
ttgcaaaaccc aggggtctt ttgttccattt ttctaaaacc ttgtatcttcc cagcccaaag 1860
gcgtatggccc cctgcccaccc tcaaggctgg aattgtgttcat aaccggatc ttgtatctt 1920
gtataacggta tggttattttt acgaaggca gttcgtaaac agcacttgc tttttaataa 1980
aagaatgttt tgcaaaaaaaa aaaaaaaaaaa tccgaaaaaaa a 2021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 900 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

```

gcgaccgcct ctactgaaag tttgaccctgt tgaaggtaa ggctctggaa ggcttccccc 60
gtctcggtgg tcctgacttc ttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
gcttggatgc cctcagggt gctgaccctt gccagccac gaatatcagg ctagagaccc 180
atgccatct ttgtggctgt gggcaccagg catggactg agcccatgtc tcctcagggg 240
gatgggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtggcac 300
ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggcttggc atgacttaag aggaaggca 360
gtcttgggcc cgctatgcag gtcctggcaa acctgctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
tcagggttagc accatggcag gactggggga actggagtgt cttgtctgt tccctgttgt 480
gaggttcctt ccaggggctg gcactgaacg aagggtgctg gggcccccatt gccttcagcc 540
ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttcctg aggtcagggtc ttggtaggtg 600
cctgcattctg tctgccttct ggctgacaat cctggaaatc tttctccag aatccaggcc 660
aaaaagttca cagtcaaattt gggaggggtt ttcttcattgc aggagacccc agggccctgga 720
ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggatcctc ctgaagccct tttcgcagca 780
ctgctatctt ccaaaggccat tgaaatgtt ttttacagtgt gtataaaacct tttttttttt 840
ttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagttgt tttctaaaaaaa aaaaaaaaaa 900

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1212 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcgccccct gcgccggac cgccggcggaa gcccacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatcgcca cgaggcggga gttccccgtg atctccgtgg tgggtacac caactcgcca 120
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgcacgcg tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgctgc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggtt cctctccag ctgcccacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccactcggtt ctcatcttc acgtgagggc cgtcagccac 360
cccgaggcgg agtccagaaa tgcagcgttc tgtccacgt gcgtggcctg cagctgccc 420
ccccgctct ggactccatg gtggaggttc aacaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgcctcgc gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgatgcg gcggtttga aggcacggg gagacagatc ctcaacttcc 600
gtgtgaggct cgcagggcgc cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaaggag 660
ggacgtgatc cctgaggacg gggcggccga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaattc cgaaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagagggc tgccccgtgg 780
gggcatcgct gcctggggag ctgaggcgtt accgctgtgt tggggccagc ttgtgtcag 840
gtgcagcagg gtcctcttgc tctggttctg caccctgtctc gctcccagcc atttgctggg 900
atgaccgtgc aggccggta cacggccgca cctgccccaa agcgggcccgc cggagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtggggccctc ggtgcctgt gtgaactgct1020
ttccctcgga atgttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaaa1080
aaatccagtt cctctgtcac ctgcccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggccctcc1140
gccccggctgt ctgtttcac agatggtctc ggtttccat ggtgggtcgt gggaaatgac1200
aaaaaatcag gt 1212

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```

ctcccttaggt acaaataagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcaactcat tgggtgtgaa agctgagctc acagcaaaac aagccacccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctgtcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagcttttg tttctgagct gtagacttc ttcttcattt gtgaacctct gttcaagttt 240
agtcttgcca aatttgcattt ccctccggaa gctgttgcag ccaagtttagg agtgaagaga 300
tgacacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattt cggaaagtctt ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccac tgtctttcaa 420
tgacacccctg atcttcactt cagaatgtttt aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc

```

494

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 729 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```

ttttttcct tgggaagcag gagtttattt ttatcctttt gtaagtattt actcggtaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg tttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120
acgattcttt tcttcttggaa gtttttcctt ttccctgaatc tcataatgtat tcttggccat 180
gattctgtct tttcaatgac tgggtttctt actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaagca gcgtgaagtt gtctgccccca accagcagga ctttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatatcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccttc 360
caactggcgcc tggcaaagtg caccacggca aagagcctgc catactgccc cgtgacgatc 420
atctcattca ctttcttcac gacctctgca tgggtgtctgg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tggtaactc agggatgttt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaaggggaggc tgctccggc 600
cccgaaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgcctaa ggtgaccgtc 660

```

agggaagatg ctgccatggc cgccgccatc ttcccgagc ctcggccgga aacggaaaacg 720
acgcgaacc 729

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

cagaggctct tttttaaatac ttggggaaat catacccaact gaggaataga ggccagggca 60
gatcaggcct gcgtggattg tgggtcagct agggaaagcag aaggaggaag acgctggaaat 120
cattgtcagg actgagaata tggtgtgagt tgctttgag ggtggccatg tgagcacctt 180
ggccagatta atctcttcc cccctccatg atggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240
atgctgggtg gcatgtggc tgggcacagt gagtcaggtg gtgagctcat cgagagggat 300
ggcaagaagt acaagcttctt ctatgaaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagatgtct 360
ggggggcgtgg ctgagtagac agtatgttgg aggcccagga gcttagtaat agtatggagg 420
cagaactcat ggctgcttag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480
ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540
aataaaagttt ttcctacttt aagagcctca gagggaaaga cagtggaaat tcctttaaa 600
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660
gtggggcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcatccg agtcacccag 720
caggtgaatc caatcttcag tgaggcgtgc tagacctgag cagttctacc ctcccaaggc 780
accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840
tctgtattac tttgtcattt cctgttgcactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900
acttctctat ctgcacacac aaaatgcccaggcactcac tggggagggaa gcaaggaagc 960
aaacagtctg agaaaatgat gcaagaaaat caaatggaa tctggggacc caacacaacal020
tcctgaagat tattaaaagg aaaagatgtct gattggtaca taaatcttt acatggcctl080
ggtctagagg aggcaaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac1140
cttcacatcat ctaaaaagct ctgaagtgtt tgtatattt aaatacctca ataaagagagl200
agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct1260
gctgcagagt ggggtgggtt agggtcagca ctgaccaggat ggggtcaaga acaat 1315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH-NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NFIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

tagaatttc atgtgagttc attcctccct gctgagatgg ttcaagctcct ctttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaatctac 120
ttggaggcaa gaggcagattt gttgttccat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag agggttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcgc aggagtacga 360
ggaacagttc aaattcaaaa acatgtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttcct 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaagggttggaa atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tlgaaaaga 660
ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatctg caagtcttc 720
ggaaacacactt ccctgagtgg cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780
atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgaact ccgagtcagc ctcagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctcctcca tttccgaac caacaccc 900
ctcgaggccc cctagttct ccgtccctac acagggagct cctccccaaag ggtagatcgg 960
accgttcatg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaaa aaactccctt gcctgcattcc 1020
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaaa tlgccagaa tccacacgttg 1080
gccccgaatcg tgggggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaaac ctgtcccgct 1140
gccactttcc tcactgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagtcc cactaaaaat 1200
gccccaggag aataggccacc ggctggctt ccaaagggtt tgggtttat tgctttctgt 1260
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagttt ttggacaggt gttatataa 1320
cattctattt taaatgaatg tgggggttgg ttctactgca ttgtggagca tgccccggaa 1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc ttccctgga actaaccagt ccttgtatgtt 1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaacccat ctgctggggg tgcacttca cactcggcat 1500
gcattgtgaa agcttccat acccttggcc attccctctc tcctctctc ccaacccat 1560

ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaacctttc tctgcctggg1620
 aaattattt atgtttgtt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttagagl680
 aaacaaaacgt aggccctgtt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtt1740
 atgagatgac ttatctcgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaatga gtggcacal800
 cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctgtt taatgcataat tatacttg1860
 ctttaactg tggaatctat ttctaaccta aaggtgctgc cctagtactt ttctttgct1920
 gcctctgctg ctcttttcc tttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaa1980
 actagaggtt ctgctccacc tcgtctcata a 2011

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2009 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

aggggggata gaagggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60
 acgagatcgta gactatgata agggaaagagg aaatgaacga gaaaagaagat gtccaaaggaa 120
 cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaaag aagacaaaga tgataaggcgg 180
 cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaaag cagaagcaga 240
 gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacacgaa tagaaagttaga 300
 agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360
 cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttaaaaat caaaaaaaacg ggaacatagt 420
 cccagcaaag aaaaatctag aaagcgttagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
 cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgac gaaggagccca aagtatagaa 540
 caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgt 600
 aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc tttttcccc cacgttgaga 660
 ttgtgcagta gttcgactc ctcagactc ccctgttaggc tgcattttca tttctcttt 720
 cgtgttaggaa agtgcctttg taattccatt tattgcattt gtgtttcac ccaattgtta 780
 agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcattttat tgtttgggg taaaatgtac 840
 agtctgtaca tatgtcctga aaatgttttta attcccttgg catgggtgcc atgtgggtta 900
 aatttgtata aggcaataaa ctgcccactaa tctattttg tttttaggt gtgggattat 960
 gggttggta ctgaagtttag catggctgtg ctttcgtaa tagaatgcta aagactttgal020
 gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
 cattgttagga ttaacattct tgcactgt atattatctt ggaaggctct tggtaatatg1140

ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctga 1200
 tgcagaggtt tttaggctgt gatttcatca aaagtccctt tagcattcta cctcaaagg 1260
 acacttagta tgcctaaaat ttattcactt agtttcctt ttttatttga aaaaatacat 1320
 gacatgtaat cttttttct tgaattctt ctcagattt aaagtactat attaaaaga 1380
 aaaattaatg tctaaaggcct agcattctg cagaacccta tactaacatg taatggg 1440
 agggtggggc agatgagtag agaaaacagat tcaaggctca agcttccaaa gcattttat 1500
 aaatggaaaa tccttaaattt atgaaacagc ttgatatagt gtcctttt taaaattcag 1560
 aactttttttt attgataatg gagattctg tttgagttt taaaacttaat ctagaac 1620
 ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaat tatttgatag 1680
 attgttctta caactgtat tctgattaca gaaccatcat gagtgtgaa taaatactgg 1740
 attaaatcct ttatcctggg tcttggctt tccccatctt gttaaatttt ttttagcatat 1800
 ttatattgtg gaaattgtg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtctt 1860
 agtgcggcaga tgacaagtga attttggaga aatgcataga ctgggattgg gcatgtgg 1920
 atcaataatc ttttattagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt gtttgcac 1980
 tgtgtcattt gattactttg ttccatgtc

2009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

gcctggccct tgcagagaag gccagctgg tggggaaaca gccccagttc tggcgaaga 60
 gcagggtctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120
 tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
 gcgtctggtc tttgggcctc tggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240
 cagctttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggccctt 300
 ccaggaggcc ctagacccag ggccctttga ccagggcagc cccttgcggcc aggagctgct 360
 ggacgacggc cagcaagcca gcccctacca ccccgccagc tgtggcgcag gagccccctc 420
 ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgctt ctcggagctc ccactcctca 480
 gactccgggtg gaagtgacgt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt ccccagcgat 540
 gttttcgtg actgcaagaa ggggatccc aagcacggg agcggaaacg aggccggccc 600
 cggaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctcgaggcga agaagagcaa gcacgcgccc 660

agaggcaccc acctgtggga gttcatccgg gacatcctca tccacccgga gctcaacgag 720
 ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctcg cgccgaggct 780
 gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
 cgggcccattga ggtactacta caaacgggag atcccttggaa ggggtggatgg ccggcgactc 900
 gtctacaagt ttggcaaaaaa ctcagaacgccc tggaaggagg aagaggttct ccagagtcgg 960
 aactgagggg tggaaactata cccgggacca aactcacaacgga ccactcgagg cctgcaaacc 1020
 ttcctggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgcctc cagctgtgct 1080
 gtggagagaa gctgatgttt tgggtgtatgg tcagggcatcg tccctggact cgagactat 1140
 ggcctcgccct ccccaacccctc ctcttggaaat tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta 1200
 tagctgcaag tgtatctctt tttatctgtt gcctcctcaa acccagtcctc agacactaa 1260
 tgcagacaac accttcctcc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc 1320
 cttaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcacccctc tttctggact 1380
 ggcgttcacc tccctgctca gtgcttggc tccacgggca ggggtcagag cactcccta 1440
 tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tattttttctt aaaacattcc 1500
 cctccccact cctctccac agagtgttgg actgttccag gccctccagt gggctgatgc 1560
 tgggaccctt aggatggggc tcccaagctcc tttccctgt gaatggagggc agagaccc 1620
 aataaaagtgc cttctggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaatt 1680
 gggcctttgg atcgaatatg gtcaagaggt tggagggggag gaaaatgaag gtctaccagg 1740
 ctgagggtga gggcaaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttccctgt agcagggtgt 1800
 ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaaag gaagcagctg agactgtgg 1860
 agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag 1920
 catcctgctg tcatgacacc gctcgagtgta ctttgacctt gaccaagtct gtctgttta 1980
 ggactgattt ttccttattag gctagggtt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt 2040
 gcatggctgg ctttggaa tagatggtt tgcattccag ccaagtggtc tgtaaactgt 2100
 atatctgtaa tatgaatccc agctttttag tctgacaaaa tcagagttag gatcttgtaa 2160
 agtggagat gacttgc tgagaaagaa tggggaaagg agttggcatt tggtaaagt 2220
 atagtcttt tctctgggt ttttaatttgc caacttttac ttttagatt 2269

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

caaaaaaacc tcttaatatt ctggagtcat cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
 tggaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
 tctttgccaa gaccttcaa agccattttta ggctgttagg ggcagtggag gttagaatgac 180
 tccttggta ttagagttc aaccatgaag tctctaacaa tgtattttt tcacctctgc 240
 tactcaagta gcatttactg tgcgttttgt ttgtgttagg ccccccgggtg tgaagcacag 300
 acccccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac ttttttttt 360
 aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaaacact gattccccc 420
 tttgcattct ccctccttcc cttccttgc gccttttgac tttcatttgc aatttaggatg 480
 taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
 gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgtt aacttccatgt gaggttttc 600
 agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgaggtg gatatcttcac gtagaaacatt 660
 ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagtt aacctatttgc tctttcttta caagatgggt 720
 ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaattttttt tagcttttgt gtcttacatt 780
 ggtagccagc cagccaaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatatttgc gttccatcc 840
 tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccctctac tcttacttcc cccaaatttt 900
 aagaagtatg ggaatgaga ggcattttccc ccaccccccatt tctctcctca cacacagact 960
 catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaaacat ttaccaatca 1020
 tattaataca atgatgctat ttgcaatttcc tgctccttagg ggaggggaga taagaaacc 1080
 tcactctcta cagggttggg tacaagtggc aacctgtttc catggccgtg tagaagcatg 1140
 gtgccctggc ttctctgagg aagctgggt tcatgacaat ggcagatgtt aagtatttct 1200
 tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctacttttgt tctgtctgtt 1260
 tctagaaaaga atattttgtt ttccctgtata ggaatgagat taattcctttt ccaggtattt 1320
 tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagccca tttttactgt tatcttattt 1380
 agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaaacaaac attgtatgtt acagtcatgc 1440
 agtctggag tggggaaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
 tgagggaaaaa gggagggaaa aggaagttt gggataacat gtgggtgggtg tgatccctag 1560
 gtcttggag ctcttggagg tgcgtgtatc agtggatttcc ccatccccctg tggaaattt 1620
 gtaggctcat ttactgtttt aggtcttagcc tatgtggatt ttttccttaac atacctaagc 1680
 aaaccaggc tcaaggatgtt aatttttattt ctttcgttca gttaaagttt tcccttcatc 1740
 tggcactga agggatatgt gaaaacaatgt taacatttt ggtgtcttc aaccaggat 1800
 tggttctgtt taacttctta taggaaaagct tgagtaaaat aaatattgtc ttttgtatg 1860
 tcaaaaaaaaaaaa aaaa 1874

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 687 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

ggccaaggc ccccaagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcggtttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aatgtcgca 120
gctggAACGC aacatagaga ccatcatcaa caccccccac caataactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaaatt caaagagctg gtgcggaaag atctgcaaaa 240
tttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaatgca gacaaggcagc tgagctcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgagggtgacgaggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cgccacagt catggggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgccc 540
tctacccaac cagggccccggggcctgtt tgcactactg tcttggctgt gggcttaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtc tgcgtgttcc ttccacctt 660
ctgcaaggcctgccttccag gggtgtg 687

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

gagcaacgct ggagcatccc gctctgggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
tggcccgct gttgctcctc cttctgcctt tccttctgtatggctgccc cccaaatca 120
ggaaaatgct gtccagtgggtgtgtacat caactgtca gcttcctggg aaagtagttg 180
tggtcacagg agctaataca ggtatcggga aggagacagc caaagagctg gtcagagag 240
gagctcgagt atatttagct tgccggatg tggaaaagggg ggaattgggtg gccaaagaga 300
tccagaccac gacagggAACACAGGTGTTGCGGAAACTGGACCTG TCTGATACTA 360
agtcttattcg agcttttgct aagggttttct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
tcaacaatgc aggagtgtatgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
acataggatg caaccacttgcgtacttcc tcctaaaccca tctgctgcta gagaaaactaa 540

```

aggaatcagc cccatcaagg atagtaaatg tgcgtttccct cgcacatcac ctggaaagga 600
 tccacttcca taacctgcag ggccgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
 gcaagcttagc caacatcctc ttccacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
 ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
 tcatgagatg gatgtgggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
 agaccagcct gcaactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
 gtgactgtca tggcatgg gtctctgccc aagctcgta tgagactata gcaaggcggc 960
 tggggacgt cagttgtgac ctgctggcc tcccaataga ctaacaggca gtgcagttg1020
 gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatga ttctccatca1080
 agttttcaa aacctttagc acaaagagag caaaacccctc cagccttgcc tgctgggtgt1140
 ccagttaaaa ctcagtgta ctcaggattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagattact1200
 ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gaccctcatal260
 tgacctgcac agctcatttt cttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat1320
 agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gcttcttgc tcacaattca gttccctccal380
 accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaal440
 agactggctc aggagcaggg ctgccaagg catggtgat caccggagtc aagtagttca1500
 agaccagcct ggccaaacatg gtgaaacc 1528

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

RDTVVGDGTE RSVTASRASA PRPWQSQTDS DSDSEGGAAAG GEADMDFLRN LFSQTLIGS 60
 QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDFRSPSTGL YDNLEKYHLP 120
 YPEAIFEISY FKKHPEPFFA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLLR CYTQNIDTLE 180
 RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR 212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIIILP

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

SNLVYVLSLH FPVFSYFLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR. 60
NSGDKKAEER AKIIFAIQDQ VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:77 :

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60
AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSAK 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60
DPRYLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMAW 120
SKPRNVQILN MVTRQGALWA NTLGSLLALLY SAFGVIIIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLQQS L 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:79 :

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEFS DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFWE LIGEAAKSVK LERPVRGH 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

ASRGAEQDGG ASAARP RR RW AGGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60
VDPRKDAHSN LLAKKETSNL YKLQFHNVKP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS 180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRP GTMIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
 SRIPGVWCF KPLQEAECTF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60
 GFTSQTARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

MGRARDAILD ALENLTAEEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY 60
 LETYGAELTA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120
 ALIARVTNVE WL DALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPWN WTCKDLLLQA 180
 LRESQSYLVE DLERS 195

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHFESDLFIH NIRKASL

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGWS HGARARRHPG CAGEPDRRG A QEVQAEAAVG 60
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

PGLAAGLATL LLPSPPPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPPNP 60
SRP 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPQ 60
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120
HTTRWVPPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMQAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGKMLA AYLYEVSQLK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKVVFFY VLIILRLLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTMR PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180
KLGIKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQQLQN 240
CTEPGEQPSP KQEVLWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPP KTKH 284

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

QKRSFLEASA MEFSSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60
DAPIHGNPLT HFKT 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLLILRR 60
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHLNLTMFLG WSQLFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60
ISGICFLAVF STFLPPW 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99 :

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60
LYSAMGYGSY LVWKELEGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120
GAAAALPWPG TR 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPPI SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWGKS WEASQRRILWF 120
PWASTLGSWP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: inzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60
TQLITVDEKL DITTLTGVPE EHIKTRKVRI FVPARNNMQS GVNNTKKWKM EFDTRERWEN 120
PLMGWASTAD PLSNMVLTFs TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180
TRVSTK 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKFAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60
TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 308 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR	KDGAMFFHWR	RAAEEGKDYP	FARFNKTVQV	PVYSEQEYQL	YLHDDAWTKA	60
ETDHLFDLSR	RFDLRFVVIH	DRYDHQQFKK	RSVEDILKERY	YHICAKLANV	RAVPGTDLKI	120
PVFDAGHERR	RKEQLERLYN	RTPEQVAEEE	YLLQELRKIE	ARKKEREKRS	QDLQKLITAA	180
DTTAEQRRT	RKAPKKKLPO	KKEAEKPAVP	ETAGIKFPDF	KSAGVTLRSQ	RMKLPSSVGQ	240
KKIKALEQML	LELGVELSPT	PTEELVHMFN	ELRRTWCCST	SSSRPVPTAS	MSCRCCGTVM	300
RHWPGGLVC						308

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE	VQSILKISQP	QEPELMNANP	SPPPSPSQQI	NLGPSNNPHA	KPSDFHFLKV	60
IGKGSFGKVL	LARHKAAEVF	YAVKVQLQKKA	ILKKKEEKHI	MSERNVLLKN	VKHPFLVGLH	120
FSFQTADKLY	FVLDYINGGE	LFYHLQRERC	FLEPRARFYA	AEIASALGYL	HSLNIVYRDL	180
KPENILLDQ	GHIVLTDGL	CKENIEHNST	TSTFCGTPEY	LAPEVLHKQP	YDRTVDWWCL	240
GAVLYEMLYG	LPPFYSRNTA	EMYDNILNKP	LQLKPNITNS	ARHLLEGLLQ	KDRTKRLGAK	300
DDFMEIKSHV	FFSLINWDDL	INKKITPPFN	PNVSGPNDLR	HFDPEFTEEP	VPNSIGKSPD	360
SVLVTASVKE	AAEAFLGFSY	APPTDSFL				388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

TD SER GDP SE QTR PWR PPCA LTMAMHFIFS DTA VLL FDFW SVHSPAGMAL SVLV LLLA V 60
LY EGI KVGA KLLN QVL VNL PTSIS QQTIA ETDG DSA GSD SFPV GRTHHR WYLCHFGQSL 120
IHVI QV VIGY FIML AVM SYN TWIFL GVVLG SAVG YYLA YP LLSTA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

GLPL GIT VPV ARE TIT SLFN KSS VIG PPLR LIL KAQ VTRG NL CCP VT VTM QLR NPEL HLG 60
CAL ALR FLAL VSW DIP GARA LDN GLART PT MGWL HWER FM CNL DCQ EEPD SCISE KLF ME 120
MAEL MVSEG W KDAG YEYL CI DDCW MAP QRD SEGR LQAD PQ RF PHG IRQL A NYVHS KGL KL 180
GIYAD VGN KT CAG FPG SFG Y YD IDA QT FAD WG VDL LKFD G CYC DSLEN LA DG YK HMS LAL 240
NRT GRS IVS CEW PLY MWP F QKP NYTE IRO YCN HWR NFAD I DD SWK SI KS IL DW TSF NQE 300
RIV DVAG PGG WND PDM LVI G NFGL SWN QQV TQ M ALW AIMA APL FMS ND LR HIS PQA K ALL 360
QDK DVI AIN Q DPL G KQGY QL RQ GDN FEV WE RPL SGLA W AV AMIN RQE IGG PRS YTIA VAS 420
LGK GVAC NPA CFIT QLL PVK RKL GFY EW TS RLR SHIN PTG TVLL QLE NTM QMS LKD LL 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107 :

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSFP ATFTPSPSIP LSSAYFFFFS 60
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRRHTTA GLIFC 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

TKLTPGQASP WFPTHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60
NFESRWNDI 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

FFFFFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTFDVPG SELGAGDI 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60
DFSVSFVLQI RCPNK 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60
PEGIWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAAASARRPP RLPLSAPPs RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60
 EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDLEEAEEY 120
 KEARLVLDSV KLEA 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60
 PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAAEEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120
 RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRTSRP SRQCGPGRAS GPGPSCPCKPP GAPSFLHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60
 VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEGRRLRRAEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120
 ASYGMRGWSH RSPLPAVVLPSVLTALSPL ALCQAWRRAV PHGVPSQRLR NQEASLVPKG 180
 VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLRSFW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240
 PPLRCSA 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

SKLNSYYGNV PVIEVKNKH PVEVYVLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIRA NSLVMQPISQ SQAIEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMVLF MKRIDIAGLG HCFMNRPAP ESLMQALEDL 240
DYLALDNDG NLSEFGIM SEFPILDQPLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAAEAALT CWKTFLHPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVEKWCR DYFLNCSALR 360
MADVIRAEELL EIIKRIELP YAEPAGFSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKRM PEWVLFHKEFI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESQDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119 :

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR IC LDSEMRYN SEDTMAESSR 60
GVGGSSY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

AA CLALRIA A AMASQS QGIIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK N RRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AA ALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
I HENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

SNMAAPSGGW NGVGASILWAA LLLGAVALRP AEA VSEPTTV AFDVRPGGVV HSF SHNVGPG 60
DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKS YLYFTQF KAE VRGAEIE 120
YAMAYSKA AF ERESDVPLKT EEF EVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYLM FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60
LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120
TDKIDRYAQQ DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 357 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPN	EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEV	RTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVVLD VGSGTGILCM	FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK	120
LDHVVVTIICKG KVEEVELPVE KV	DIIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD	180
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDM	SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE	240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL	VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ	300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN	RDLDFTIDLD FKGQLCELSC STDYRMR	357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TG	PRLGMNGC 60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSK ASGGAEQRR GMAVTISPSP NLSPFFESEW	120
GRVGRDPDL	129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QGQDKPSGLW PPGPWFFPCPT TWSPHGWLW CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60
SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLLLPGVTL TLRIMRGPLP VSPILSSREV 120
LTPDS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEPV PLKTCLHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60

HFSRPFLRVW GEHLPRTQYG GNRQGSPHQ P QGQDTLRQQQ TQEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PHSPLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPSP 60
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLS KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60
GHLCGCGHQW WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Prot in
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60
QGGFGMT 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAAE AARETTRRSR KMRTRREFPV ISVVGYNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120
PEAESRNNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLL GWSPNHSLFV KAEKTAKQAT MKLSVCLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60
LLDFFFISEP LFKLSSLAKFD APPPEAVAAKL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

- (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVTLFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSFP 60
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120
VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCYL NLREADQREA 180
APGPEGLRLML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVVSVSGRG CGKMAAAMAA S	SLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS	60
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHAEVVKKV NEMIVTGQYQ RLFADVHFAS	120	
RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLLGKDL VRVEATVIEK	180	
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL	222	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV	60
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMILGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPTLRA	120
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAAKLKEL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA	180
C	181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

STWRQEIQIGC FIMDGDDGN LIIKKRFLSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV	60
YDPRSLYERL QEQQDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRRQQE LIEKQRREEE	120
LKEIKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL	168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

TRKERSKEQR SRGEVEEKHH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSSRSRN	60
AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS	120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV	153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTEVA EAEGNTEVG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN	60
IKMKVKKNQI NEVEVAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS	120
QTNMIVEGAK V	131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

IIFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSL LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60
EYWDLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLSRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60
 HIMEDLDTNA DKQLSFEIFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

ATLEHPALVP LQPAEMVEIM FPLLLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
 VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKEI QTTGNQQVL VRKLDLSDTK 120
 SIRAFAKGFL AEEKHLHVLI NNAGVMMCPTY SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLEKLK 180
 ESAPSRIVNV SSLAHHLGRI HFHNLLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGSVG 240
 TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMWWLFSF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
 DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVS CDLLGL PID 333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1624 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149 :

```

TGAGCGGGGG ATGATGGCGC CGCGGAGGGT CAGGTCTTT CTGCGCGGGC TCCCCGGCCT 60
GCTACNTGCT GCTGCTCTTC CTCGGGCCCT GGCGCCGNTG CGAGGCCACGG CGGCAAGTAC 120
TCGCGGGAGA AGAACCCAGCC CAAGCCGTCC CCGAAACGCN GAGTNCCGGA GAGGAGTTCC 180
GCATGGAGAA GTTGAACCAG CTGTGGGAGA AGGCCAGCG ACTGCANTCT TCCTCCCGTG 240
AGGCTGGCCG ANGCTCACG CTGATCTGAA GATACAGGNA GAGGGACGAA CTCGCCTNGG 300
AAGAAACTAA ANGCTTGACG GCTTGGACGA AGATGGGGAG AAGGAAGCGA GACTCATACG 360
CAACCTCAAT GTCATCTTGG CCAAGTATGG TCTGGACGGA AAGAAGGACG CTCGGCAGGT 420
NGACCAGCAA CTCCCTCAGT GGCACCCAGG NAAGACGGGC TNNGGATGAC CCCAGGCTGG 480
AAAAGCTGTN GGCACAAGGC GAAGACNCTC TGGGAAATTG TCCGGCGAAG AACNTGGACA 540
AGCTCTGGCG GGAGTTCTG CATCACAAAG AGAAAGTTCA CGAGTACAAC GTCCTGCNTG 600
GAGACCCNTG AGCAGGACCG AAGAAATNCC ACGAGAACGT NCANTTAGCC CCTCGGNACC 660
TGNAGCGACA TNCAAGGGNC AGCGTCCTGC ACAGCAGNGC ACNACGGAGC NNTGAANGGA 720
GAAGCTGCAC AGNATCCAAC CANGGGCTG GACCGCCTGC GCAGGGTCAG CCACCAAGGGC 780
TACAGCACTG AGGCTGAGTT CGAGGGAGCC AGGGTGTATTG ACCTGTGGGA CCTNGGCGCA 840
GTCCGCCAAC CTCACGGACA AGGAGCTGGA GGC GTTCCGG GAGGAGCNTC NAAGCACNTT 900
CGAAGCCAAA ATCGNAGAAG CACANACCAC TACCAAGAANG CANGCTGGAG ATTGGCAGC 960
AGAAGCTGAG GCACCGAGAG AGCGTGGGN C GANCGGCGNA GCGTGTNGAG CCGCNNAGCC1020
GCGANNGAAG CNACGCCCTG CTGGAGGGGC NGGACCNAAG GNAGCTGGC TACACGGTGA1080
ANGAACGCATC TGCAGGANCC TGTCCGGCAG GANTCTCCAN NGAGCTCGGC ANCAACGAAN1140
CTCTGAANGG CNATTGGGA GNCCCNAGCC CGGCANGGGA ANGAGGNNNC CNAGCGTGNA1200
ANGGACCN TG NGGCTCTTGG CCNGTGGCAT TTNCCGTGGA CAGCCCNGCC GTCAGGGTGG1260
CTGGGGCTGG CACNGGGTGT CGAGGGAGGA AGGATNTGTT TCTGGTGACN TGCAGCCGCT1320
GCCGTCGCGA CACANGGGCT TG GTGGTGGTGGT AGCNATTGG GTCTGAGATC GGCCAGCNT1380
CTGACTGAAG GGGCTTGGNC TTCCACTCAG CATCAGCGTG GCAGTCACCA CCCCAGTNGA1440
GGACCTCGAT GTCCAGCTGC TGTCAAGGTCT GATAGTCCTC TGCTNAAAAC AANCACGATT1500
TACATNAAA AATCTTACAC ATCTGCCACC GGAAATACCA TGCACAGAGT CCTTAAAAAA1560
TANGAGTGCA GTATTTNNNA AACCAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA AAAAAAAA1620
AAAAA

```

1624

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1756 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150 :

```

AAGCAACCTC  GTTTATGTCT TATCTTGCA TTTTCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG  60
AAGGCCAGG  TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120
TGCCTCTAAT CACTGAACAC AGCTTTAGT AATGTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCCCTGAG ATCACTCTGA TGTCACTAGT 240
GTAATTGAG CCTGGAGCTT TTGTTCACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTT GAAAACACAG 480
ACCAAGAACATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
CCAAGATCAT TTTTGCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCCT CTGATGGCCT 600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGAAA TATTCCATCA 660
AAGTTCACTG AAGAGAAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720
CAA GTGAGTT TGTGAGATT CAAACAGATGC AGCATTTCG TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGGACC AGGACTGAAC 840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTC ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAAACAAA 900
ATGCTTTCAAG CAAGGATTG AAAACTCTTC CGTCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020
TCCAGGGTCA CTTTGTCAAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTT TTTTTTTT1080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC1140
ATAAAATTGTT TACTGAATT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCAG CCTGAGTATT1200
GTCTATTGGT ATAGATTAAAGG AAGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTGCAC TTATTACAAT1260
GCCTGAAAAA GTGCACCCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGCTTCA1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTT GGTTGTAAA AGGTTTTTA TACATTTCAA1380
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAC1440
ATTTTACATA TTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAC GTAATCTAAT TAAATTCAT1500
ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
CTATAGTTTC TATAATTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAAATAAA AATTATTGTA1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
TTGATATTAA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
AAAAAAACGG CTCGAG

```

1756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 :

CTCAGTATTA AGCAACAGAA AATGAGACTC ATCGTAGACT CAGCATAGAC CCATCACAGA 60
 CCTGTCAGAG GCCGATTGTA AGCTCGCTGT AGACCCATGA TAGCAGACCC GTAGTCACTA 120
 GCACCTGGATC AAATGCAAGC TTATAAAGCA TTGGACACCT CAAGTCTAGT CGGGGAGCAG 180
 GTCACAAGCT ACCTAACTAA GAAGTTTGCT GAACTACGCA GCCCCAATGA GTTCAAGGTG 240
 TACATGGGCC ACGGTGGGAA GCCCTGGGTC TCCGACTTCA GTCACCCCTCA TTACCTGGCT 300
 GGGAGAAGAG CCATGAAGAC AGTTTTGGT GTTGAGCCAG ACTTGACCCAG GGAAGGCGGC 360
 AGTATTCCCG TGACCTTGAC CTTTCAGGAG GCCACGGGCA AGAACGTCAT GCTGCTGCCT 420
 GTGGGGTCAG CGGATGACGG AGCCCACCTCC CAGAAATGAAA AGCTCAACAG GTATAACTAC 480
 ATAGAGGGAA CCAAGATGCT GGCCGCGTAC CTGTATGAGG TCTCCCAGCT GAAGGACTAG 540
 GCCAAGCCCT CTGTGTGCCA TCTCCAATGA GAAGGAATCC TGCCCTCACC TCACCCCTTT 600
 CCAACTTGCC CAGGGAAAGTG GAGGTTCCCT CTTCTTTC CCTCTTGTCAG GGTCACTCCAT 660
 GACTTTAGAG AACAGACACAA AGTGTATCCA GCTGTCCACG GGTGGAGCTA CCCGTTGGGC 720
 TTATGAGTGA CCTGGAGTGA CAGCTGAGTC ACCCTGGGTA AGTTCTCAGA GTGGTCAGGA 780
 TGGCTTGACC TGCAGAAGAT ACCCAAGGTC CAAAGCACA AGGTCTGCGG AAAGTTCTGG 840
 TTGTCGGCTG GGCACCCACGG CTCACACCTA TAATCGAGCA CTTTGGGAGG CCAAGACAGG 900
 AGGATCACTT GAGGCCAGGA GTCTGAGACA AGCCTAGGCA ACAAAACAAG ACTCTGTCTC 960
 TACAAAAAGT TTAAGAAATG AGCCAGACAT GGTGGTGTAT GCCTGTAGTC CCAGCCACTC1020
 AGAAGGCTGA GGCAGGAGGA TCGCTTGAGA CCAAGAGTTT GAGCCTGCGG TGAGCTGTGA1080
 ATGCACCACG GCACTCAAGC CTGGGCAATG TAGCAAGATC CTGTCTCTAC AAGAAATTT1140
 TTAAAAATGA GCCAAGTGTG GTGGTGCATG CCTGTAGTTC CAGCTACTCA GGACACTGAC1200
 GTAGGAGGGT TGCTTGAGAC TGAGAGTTGG AGGCTGCGAT GAGCCATGAA TGCCCCACTG1260
 CACTCCAGCC TGGGCGACAG AACGAGACCC CATCTCAAAA AAAATAAGTT CTGGTTGTCA1320
 TTGAATTGGG ATAAACAGAG AGCTTGATGC TTTCTGCCTT CTGTCTCAGG TGATGCATTG1380
 CACATTGGG ATATTTGGAA AGGAAATGAG GAAAGAAATT AGGGCCTCCT CTGATCTCTC1440
 GCTATCTGCG GGTCTGTCC TTTTCTCAAG ACCTTCACCA TTACTGGTGT TTTCTGTCT1500
 TCTCTTTAGT ATGATCCCTC AAAACCTCAC TAACTGGAAG GATGATTTG TCTCAGTTG1560
 TACTCCTAAA TAAAAAGTAA ACATGACACC TCTAAAAAAA AAAAAAAA1620
 AAAAAAAA AAAAAAAA 1638

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2589 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152 :

```

CAACCAGGGA GATTCTCCA TTTCTCTTT GTCTACAGTG CGGCTACAAA TCTGGGATTT 60
TTTTATTACT TCTTTTTTT TCGAACTACA CTTGGGCTCC TTTTTTTGTG CTCGACTTTT 120
CCACCCCTTT TCCCTCCCTC CTGTGCTGCT GCTTTTGAT CTCTTCGACT AAAATTTTT 180
TATCCGGAGT GTATTAATC GGTTCTGTTC TGTCTCTCC ACCACCCCCA CCCCCCTCCC 240
TCCGGTGTGT GTGCCGCTGC CGCTGTTGCC GCCGCCGCTG CTGCTGCTGC TCGCCCCGTC 300
GTACACCAA CCCGAGGCTC TTGTTTCCC CTCTTGGATC TGTTGAGTTT CTTGTTGAA 360
GAAGCCAGCA TGGGTGCCCA GTTCTCCAAG ACCGCAGCGA AGGGAGAAC CGCCGCGGAG 420
AGGCCTGGGG AGGCAGGCTGT GGCCTCGTCG CCTTCAAAG CGAACGGACA GGAGAATGGC 480
CACGTGAAGG TAAACGGCGA CGCTTCGCCC GCCGGCCGCG AGTCGGGCGC CAAGGAGGAG 540
CTGCAGGCCA ACGGCAGCGC CCCGGCCGCC GACAAGGAGG AGCCCGCGC CGCCGGGAGC 600
GGGGCGGCGT CGCCCTCCCTC GGCCGAGAAA GGTGAGCCGG CGCCGCGCC TGCCCCCGAG 660
GCCGGGGCCA GCCCCGTAGA GAAGGAGGGC CCCGCCGAAG GCGAGGCTGC CGAGCCCCGGC 720
TCGGCCACGG CGCGGAGGG AGAGGCCGCG TCGGGCCGCCT CCTCGACTTC TTGCCCCAAG 780
GCCGAGGACG GGGCACGCC CTCGCCCCAGC AACGAGACCC CGAAAAAAA AAAGAACGCG 840
TTTCTTCA AGAAGTCTT CAAGCTGAGC GGCTCTCCT TCAAGAAGAA CAAGAAGGAG 900
GCTGGAGAAG CGGGTGAGGC TGAGGCGCCC GCTGGCGAAG GCGGCAAGGA CGAGGCGGCC 960
GGGGGCGCAG CTGCGGCCGC CGCCGAGGGC GGCGCGGCCT CGGGGGAGCA GGCAGCGGCG 1020
CCGGGCGAGG AGGCAGCAGC GGGCGAGGAG GGGCGGGCGG GTGGCGACCC GCAGGAGGCC 1080
AAGCCCCAGG AGGCCGCTGT CGGCCAGAG AAGCCGCCCG CCAGCGACGA GACCAAGGCC 1140
GCCGAGGAGC CCAGCAAGGT GGAGGAGAAA AAGGCCGAGG AGGCCGGGC CAGCGCCGCC 1200
GCCTGCGAGG CCCCCCTCCGC CGCCGGGCC CGCGCGCCCG CGGAGCAGGA GGCAGCCCC 1260
GCGGAGGAGC CCGCGGCCGC CGCAGCCTCG TCAGCCTGCG CAGCCCCCTC ACAGGAGGCC 1320
CAGCCCCAGT GCAGTCCAGA AGCCCCCCCCA GCGGAGGCC CAGAGAAAA GAGCAAGCTT 1380
TTGTGAGATA ATCGAAGAAC TTTCTCCCC CGTTGTTTG TTGGAGTGGT GCCAGGTACT 1440
GTTTGGAGA ACTTGTCTAC ACCAGGGAT TGATTTAAA GATGTCTTT TTTATTTAC 1500
TTTTTTTAA GCACCAAATT TTGTTGTTT TTTTTTCTC CCCTCCCCAC AGATCCCAC 1560
TCAAATCATT CTGTTAACCA CCATTCCAAC AGGTCGAGGA GAGCTAAC ACCTTCTCC 1620
TCTGCCTTGT TTCTCTTTA TTTTTTATT TTTCGCATCA GTATTAATGT TTTGCATAC 1680
TTTGCATCTT TATTCAAAG TGTAACATT TTTGTCAAT CTATGGACAT GCCCATATAT 1740
GAAGGAGATG GGTGGGTCAA AAAGGGATAT CAAATGAAGT GATAGGGGTC ACAATGGGA 1800
AATTGAAGTG GTGCATAACA TTGCCAAAAT AGTGTGCCAC TAGAAATGGT GTAAAGGCTG 1860
TCTTTTTTT TTTTTTAAA GAAAAGTTAT TACCATGTAT TTGAGGAGGC AGGTTTACAA 1920
CACTACAAGT CTTGAGTTAA GAAGGAAAGA GGAAAAAAAGA AAAAACACCA ATACCCAGAT 1980
TTAAAAAAA AAAACGATC ATAGTCTTAG GAGTCATTT AAACCATAGG AACCTTTCAC 2040
TTATCTCATG TTAGCTGTAC CAGTCAGTGA TTAAGTAGAA CTACAAGTTG TATAGGCTT 2100
ATTGTTTATT GCTGGTTTAT GACCTTAATA AAGTGAATT ATGTATTAC AGCAGGGTGT 2160
TTTAACTGT GACTATTGTA TAAAAACAAA TCTTGATATC CAGAAGCACA TGAAGTTGC 2220
AACTTTCCAC CCTGCCATT TTTGTAAAAC TGCAGTCATC TTGGACCTT TAAACACAA 2280
ATTTAAACT CAACCAAGCT GTGATAAGTG GAATGGTAC TGTTTATACT GTGGTATGTT 2340
TTGATTACA GCAGATAATG CTTCTTTTC CAGTCGTCTT TGAGAATAAA GGAAAAAAA 2400
TCTTCAGATG CAATGGTTT GTGTAGCATC TTGTCTATCA TGTTTGAA ATACTGGAGA 2460
AGCTTGACC AATTGACTT AGAGATGGAA TGTAACCTTG CTTACAAAAA TTGCTATTA 2520

```

ACTCCTGCTT AAGGTGTTCT AATTTCTGT GAGCACACTA AAAGCGAAAA ATAAATGTGA2580
ATAAAATGT 2589

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2963 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153 :

CTGCAACACC ACCTTCGGTG ACGGGCCTGA CATGCTGCGC ACAGACTTGG GCGAGTCCAC 60
CGCCTCGCTG GACAGCATCG TCAGGGATGA AGGGATCCAG AAGCTCGGCG TGTCCCTCTGG 120
GCTGGTGAGG GGCAGCCACG GAGAGCCAGA CGCGTCCCTC ATGCCAGGA GCTGCAAGGA 180
TCCCCCTGGC CACGATTCCG ACTCAGATAG CGAGCTGTCC CTGGATGAGC AGAGCAGCTC 240
TTACGCCTCC TCACACTCGT CAGACAGCGA GGACGATGGG GTGGGAGCTG AGGAAAAATG 300
GGACCCGGCC AGGGCGGCC TCCACAGCAC CCCCCAAAGGG GACGCTGTGG CCAACCACGT 360
TCCGGCCGGC TGGCCCGACC CAGAGCCTGG CTGAGAGTGA CAGTGAGGAC CCCAGCGGCA 420
AGCCCCGCCT GAAGGTGGAG ACCAAGGTCA GCGTGGAGCT GCACCGCGAG GAGCAGGGCA 480
GTCACCGTGG AGAGTACCCC CCGGAACCAG GAGAGCGGGG GCGCACAGGG CTTGCTAGCA 540
GCCAGCCCCC AGAGCAGAGG AAAGGCATCT TGAAAAATAA AGTCACCTAC CCGCCGCCGC 600
TGACGCTGAC GGAGCAGACG CTGAAGGGCC GGCTCCGGGA GAAGCTGGCC GACTGTGAGC 660
AGAGCCCCAC ATCCTCGCGC ACAGTCTTCCC TGGGCTCTGG CGGCCCCGAC TGCGCCATCA 720
CAGTCAAGAG CCCTGGGAGG GAGCCGGGGC GTGACCACCT CAACGGGGTG GCCATGAATG 780
TGGCACTGG GAGGCCAGG GCCGATGGCT CCGACTCTGA AGGCAGTAAT GAAACTCAA 840
TTTGAACCAT CAGTAATGAA ACTTCAATTG GAACCATCAG GAAACCGTGA GGCAAGCCCG 900
TCACCCCCACA CAGGCTGCGG CATCACCCCTC AGACCTTGGG GCCCAAGGGGG CCACTGCCCT 960
TGAAGTGGAG TGGGCCAGA GTGTGGCGGT CCCCCATGGTG GCAGCCCCCCC GACTGATCAT1020
CCAGACACAA AGGTCTGGT TCTCCCAGGA GCTCAGGGCC TGTCAAGACTT GGTGACAAGT1080
GCCAAAGGCC ACAGGCATGA GGGAGGCGTG GACCACTGGG CCAGCACCGC TGAGTCCTAA1140
GACTGCAAGTC AAAGCCAGAA CTGAGAGGGG ACCCCAGACT GGGCCCAGAG GCTGGCCAGA1200
GTCAGGAAC GCCGGGCACA GACCAAAGAC CGCGGTCCAG CCCCAGGGCAG GCGGGCAGT1260
CATGGCAGTG CGGACCCGTG GCTGGCAGCC CGGGCAGTCC TTTGCAAAGG CACCCCTGT1320
CTTAAAATCA CTTCGCTATG TGGGAAAGGT GGAGATACTT TTATATATTT GTATGGGACT1380
CTGAGGAGGT GCAACCTGTA TATATATTGC ATTCTGCTG ACTTTGTAT CCCGAGAGAT1440
CCATGCAATG ATCTCTTGCT GTCTCTGCT TCAAGATTGC ACAGTTGTAC TTGAATCTGG1500

CATGTGTTGA CGAAACTGGT GCCCCAGCAG ATCAAAGGTG GGAAATACGT CAGCAGTGGG1560
 GCTAAAACCA AGCGGCTAGA AGCCCTACAG CTGCCTTCGG CCAGGAAGTG AGGATGGTGT1620
 GGGCCCTCCC CGCCGGCCCC CTGGGTCCCC AGTGTTCGCT GTGTGTGCGT TTGTCCTCTG1680
 CTGCCATCTG CCCC GGCTGT GTGAATTCAA GACAGGGCAG TGCAGCACTA GGCAGGTGTG1740
 AGGAGCCCTG CTGAGGTAC TGTGGGGCAC GGTTGCCACA CGGCTGTCACT TTTCACCTG1800
 GTCATTCTGT GACCACCACC CCCTCCCCTC ACCGCCTCCC AGGTGGCCCG GGAGCTGCAG1860
 GTGGGGATGG CTTTGTCCCT TGCTCCTGCT CCCC GTGGGA CCTGGGACCT TAAAGCGTTG1920
 CAGGTTCCCTG ATTTGGACAG AGGTGTGGGG CCTTCAGGC CGTTACATAC CTCCCTGCCAA1980
 TTCTCTAACT CTCTGAGACT GCGAGGATCT CCAGGCAGGG TTCTCCCCTC TGGAGTCTGA2040
 CCAATTACTT CATTTCGCTT CAAATGGCCA ATTGTGCAGA GGGACAAAGC CACAGCCACA2100
 CTCTTCAACG GTTACCAAAC TGTGTTTGGG AATTACACACC AAGGTCGGGC CCACTGCAGG2160
 CAGCTGGCAC ACAGTGGCCCG AGGGGCTGTG GAACGGGTCC CGGAACGTGTC AGACATGTTT2220
 GATTTTAGCG TTTCTTTGT TCTTCAAATC AGGTGCCAA ATAAGTGATC AGCACAGCTG2280
 CTTCCAAATA GGAGAAACCA TAAAATAGGA TGAAAATCAA GTAAAATGCA AAGATGTCCA2340
 CACTGTTTA AACTTGACCC TGATGAAAAT GTGAGCACTG TTAGCAGATG CCTATGGGAG2400
 AGGAAAAGCG TATCTGAAAA TGGTCCAGGA CAGGAGGATG AAATGAGATC CCAGAGTCCT2460
 CACACCTGAA TGAATTATAC ATGTGCCTTA CCAGGTGAGT GGTCTTCGA AGATAAAAAA2520
 CTCTAGTCCC TTTAAACGTT TGCCCTGGC GTTCTTAAG TACGAAAAGG TTTTAAGTC2580
 TTCGAACAGT CTCTTTCAT GACTTTAACAA GGATTCTGCC CCCTGAGGTG TAATTTTTT2640
 GTTCTATTAA TTTCCACGTA CTCCACAGCC AACATCACGA GTGTAATT TTAATTGAT2700
 CAGAACTGTT ACCAAAAAAC AACTGTCAGT TTTATTGAGA TGGGAAAAAT GTAAACCTAT2760
 TTTTATTACT TAAGACTTTA TGGGAGAGAT TAGACACTGG AGGTTTTAA CAGAACGTGT2820
 ATTATTAAT GTTCAAAACA CTGGAATTAC AAATGAGAAG AGTCTACAAT AAATTAAGAT2880
 TTTGAATT GTAAAAGAAA AAAAAGGGGG GGGAGAGGAA GGAGAGAAGA AGAAAAAAA2940
 GACGAAAAAA GAGAAAGTTG TTA

2963

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154 :

CCGCAGAGGG CGGGGGCTAC GGGGCAGCCC CGGGCGATGA GGGGCCGGCG TTGACCGGGA 60
 AGAGCGGGCA CGCGGGCACT GGCTCCGAGG GGACCCGCGA TGGCAGCGCC CTGAGAGGAG 120

GCTCCAGGCA	GGGCAGGGCTG	CGCTGGCAGC	GGCCGCTGAG	GTGCTGGCCG	GCCGGCTGGC	180
TGGCGACGGG	GGCAGAACGCG	ACGAGAGGCG	CGCTCGGCAC	CCGCACCCCC	GTGCCCGCGC	240
CTCAGTTGTC	TAAACTTCGG	GCTCTTCC	ACCGTCTGCG	CGCCCAAGAGT	CAACAACTTC	300
TTCACCCCCC	TCCGCCCG	CCCTTCC	CGTCAGCCCC	GGGAGCTCGC	CGCGGCCCGG	360
GGACCAAGGAA	CCTCCAGCGC	TGAGATGTGG	CCGTGAGGCG	TTGGCGGGCG	CCGAGGAGAA	420
GCTCGGCGGC	GTCCCGGGGC	CGGAGGGCCG	TGGGGCCGGG	GCGCAGGGGC	GCGAGCACCC	480
CGCGCCTCTC	CCCCGCCTCC	TCCTGCCGT	TCCGCCGCTG	CCCCTGCC	GCAAGCAGCA	540
GCCGGAGCTG	CCAAGCGTCA	GGGCCGCGGA	GATGTCGTG	TCGTCGCCG	CGGGGGGGGC	600
TGCCAGCGCC	GCCATCTCGG	CCTCGGAGAA	AGTGGACGGC	TTCACCCGGA	AATCGGTCCG	660
CAAGGCGCAG	AGGCAGAACG	GCTCCCAGGG	CTCGTGCAG	TTTCGCAGCC	AGGGCAGCCA	720
GGCAGAGCTG	CACCCGCTGC	CCCAGCTCAA	AGATGCCACT	TCAAATGAAC	AACAAGAGCT	780
TTTCTGTCAG	AAGTTGCAGC	AGTGTGTAT	ACTGTTGAT	TTCATGGACT	CTGTTTCAGA	840
CTTGAAGAGC	AAAGAAATTAA	AAAGAGCAAC	ACTGAATGAA	CTGGTTGAGT	ATGTTTCAAC	900
TAATCGTGGT	GTAATTGTTG	AATCAGCGTA	TTCTGATATA	GTAAAAATGA	TCAGTGCTAA	960
CATCTTCCGT	ACACTTCCTC	CAAGTGATAA	TCCAGATTTT	GATCCAGAAG	AGGATGAACC	1020
CACGCTTGAG	GCCTCTGGC	CTCACATACA	GTTGGTATAT	GAATTCTCT	TGAGATTTT	1080
GGAGAGCCCT	GATTTCCAGC	CTAGCATTGC	AAAACGATAC	ATTGATCAGA	AATTCTGACA	1140
ACAGCTCCTG	GAGCTTTTG	ATAGTGAAGA	TCCCAGAGAA	CGTGACTION	TGAAGACTGT	1200
TCTGCACCGA	ATTATGGGA	ATTATCTGG	ATTAAGAGCA	TTCATCAGAA	AACAAATTAA	1260
CAACATTTTC	CTCAGGTTT	ATATATGAAA	CAGAACATT	CAATGGTGT	GCTGAACCTC	1320
TTGAAATATT	AGGAAGTATT	ATCAATGGCT	TTGCATTGCC	ACTGAAAGCA	GAACATAAAC	1380
AATTCTAAT	GAAGGTTCTT	ATTCCCTATGC	ATACTGCAA	AGGATTAGCT	TTGTTTCATG	1440
CTCAGCTAGC	NATATTGTGT	TGTANCAGT	CCTGGAGAAA	GATACAACAC	TAACAGAGCC	1500
NAGTNGATCA	GAGGACTGCT	GAAATTTTGG	CCAAAAACCT	GCAGTCAGAA	AGAGGTGATG	1560
TTTTAGGAG	AAATTGAAGA	AATCTTAGAT	GTCATTGAAC	CAACACAGT	CAAAAAAATT	1620
GAAGAGCCAC	TTTCAGCA	GATATCCAAG	TGTGTATCCA	TTCTCATTT	TCAGGTTGCA	1680
GAAAGGGCAT	TGTACTTNCT	NGGAATAACG	AATATATTCT	TAGTTGNAT	TGAGGAGAAC	1740
ATTGATAAAA	TTCTGCCAAT	TANTGTTGC	CAGTTGTAC	AAAATTNCC	AAAGAACACT	1800
GGNAATCCGA	CCATTGNTAG	CACTNGGTAT	ACAATGTGCT	AAAAACCTA	ATGGNAATN	1860
GAATGGCAAG	CTTTTCGATG	ACCTTACTAG	CTCATACAAA	GCTGAAAGAC	AGAGAGAGAA	1920
AAAGAAGGAA	TTGGAACGTG	AGAATTATG	AAAAAAATTA	GAGGAGCTAA	AGCTAAAGAA	1980
AGCTCTAGAA	AAACAGAATA	GTGCTTACAA	CATGCACAGT	ATTCTCAGCA	ATACAAGTGC	2040
CGAATAAAA	AAAAGCCTCC	CACCTCTGCC	GGATAGGCAG	AGNNTTTGT	ATGCTTTTT	2100
GAAATATGTA	AAAATTACAA	AACAAACCTC	ATCAGTATAA	TATAATTNA	AAGGCCAATT	2160
TTTNCTNGG	CAACTGTNA	ATGGAAAAAT	ATATNNNGGA	CTAAACGTNA	GCCCTGTGNC	2220
TGTATCATGG	CCATAGTATA	TTGTAACCTT	TGTCTAATCA	TTGGATTTAT	TGTGTCAC	2280
CTGAAGTTTC	ACAGAAATGA	ATGAATTTTA	TCATCTATGA	TATGAGTGT	ATAATTATGG	2340
GAGTGGTAAG	AATTATGACT	TGAATTCTTC	TTTGATTGTG	TTGCACATAG	ATATGGNTAG	2400
TCTGCTCTGT	ATATTTTCC	CTTTTATAAT	GTGCTTTCA	CACTGCTGCA	ANACCTTAGT	2460
TACATCCTAG	AAAAAAATAC	TTCTAAAT	AAAACTAAGG	TATCATCCTT	ACCCNTTCTC	2520
TTTGCTCAC	CCAGNAATA	TGATNNGGG	GGAATTACCT	GCCCTNAACC	CCTCCCTCAA	2580
TAAATACATT	ACTGTACTCT	GGNAATTAN	GGCAAAACCT	NTAAATCTNN	CCAGGCTTTT	2640
TAAAGNCACA	AAATNATAAA	AAAAGCTGG	GAAAGTAAAC	CAAATTCTT	CAGATTGTT	2700
CTCATGAATA	CCCCCNNTTC	CTCTNGCNA	TTCTNCCAGA	GTGGTAANCA	GATGGGTAGA	2760
GGCNAGCTCN	AGGTGAATTA	CCCNAGCTTG	CCTNCTNCAA	NTTNCATTCC	NTCCTCTTNC	2820
CTCTNCAAAN	GGCTNGANAG	GCAGGGCCTT	TNCCAGTCCT	CACAACCTGT	CCTTNCANCC	2880
TAGNTCCCTC	CTGANNCCCA	NGGGATGGNA	GGNCTTNGA	GNTCCACAG	TGTNGGNTGA	2940
TNACAGAGCA	CNTAGTTGTN	CACTGNCCTG	GCTTTATTAA	AAGGAACGTG	AGTAGGCTTC	3000
CTCTGTAGAG	CTCTGAAAAG	GTGACTATA	TAGAGGTCTT	GTANTGTTT	TACTTGGTCA	3060
AGTATTCTC	ACATCTTTG	TTATCAGAGT	ACCATTCCNA	ATCTCTTAAC	TTGCAGTTGT	3120
GTGGAAAAC	GTTTTGTAAAT	GAAAGATCTT	CATTGGGGGA	TTGAGCAGCA	TTAATAAAAG	3180
TCTATGTTG	TATTTGCCT	AAAAAAAAAA	AAAAAAA	AAGGGGGGTA	GCCA	3234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3080 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155 :

```

GCGCAGGCGC AGTGGTGAGC GGCAACATGG CGTCCAGGTC TAAGCGGCGT GCCGTGGAAA 60
GTGGGGTTCC GCAGCCGCCG GATCCCCAG TCCAGCGCGA CGAGGAAGAG GAAAAAGAAG 120
TCGAAAATGA GGATGAAGAC GATGATGACA GTGACAAGGA AAAGGATGAA GAGGACGAGG 180
TCATTGACGA GGAAGTGAAT ATTGAATTG AAGCTTATTG CCTATCAGAT AATGATTATG 240
ACGGAATTAA GAAATTACTG CAGCAGCTT TTCTAAAGGC TCCTGTGAAC ACTGCAGAAC 300
TAACAGATCT CTTAATTCAA CAGAACCATA TTGGGAGTGT GATTAAGCAA ACGGATGTTT 360
CAGAAGACAG CAATGATGAT ATGGATGAAG ATGAGGTTT TGTTTCATA AGCCTTTAA 420
ATTTAACTGA AAGAAAGGGT ACCCAGTGTG TTGAACAAAT TCAAGAGTTG GTTCTACGCT 480
TCTGTGAGAA GAACTGTGAA AAGAGCATGG TTGAACAGCT GGACAAGTT TTAAATGACA 540
CCACCAAGCC TGTGGCCTT CTCCTAAGTG AAAGATTCA TAATGTCCCT CCACAGATCG 600
CTCTGCCCAT GTACCAGCAG CTTCAGAAAG AACTGGCGGG GGCACACAGA ACCAATAAGC 660
CATGTGGGAA GTGCTACTTT TACTTCTGA TTAGTAAGAC ATTGTGGAA GCAGGAAAAAA 720
ACAATTCCAA AAAGAAACCT AGCAACAAAA AGAAAGCTGC GTTAATGTTT GCAAATGCAG 780
AGGAAGAATT TTTCTATGAG AAGGCAATT TCAAGTCAA CTACTCAGTG CAGGAGGAGA 840
GCGACACTTG TCTGGGAGGC AAATGGTCTT TTGATGACGT ACCAATGACG CCCTTGCAGA 900
CTGTGATGTT AATTCCAGGC GACAAGATGA ACGAAATCAT GGATAAACTG AAAGAATATC 960
TATCTGTCTA ACCCATTTC C AATGGACAGT GATGGCCTT TTTTGTTAA ATTACAGAA1020
AACTCAGTGG AGATTTACTG AAAAACTCAG ACTTTATTCA GATTAAGTTT CTCTACAAAA1080
AGTAGGGTTC TGTCCCATGT GTCTCTGACA CATTACAAA ATACCAGTTT TTTAAATTT1140
TGGTCAAATT ATGAGTGGTT GATTTAAAAA CTTTCCAAG AAGAAGAAAA GCATGGAGTC1200
GTAATTAAA GAACTCAATA AAAACTTCTA TTTTTTATTT TAAAATAATA TACACAGTGT1260
TATTTCTTC AAGACCGTCC TGTGGATGTG AAATCCGTCT TCGCGTCATG TATCTCCCAT1320
ATCCAGCAGT TCAGCCATCC AGCTACCTT GGGACCTTGC TGACACCTTGT GTTGTGGG1380
GAGTCACTGG AGAGTGCATC TCTGTTCACT TTCAGGGCAC GTCTCACACA TTTGCTGTTC1440
CTTATTCTT CATT GTTGACACAG GGGATAGGTG ATCCACTACT TGCTGTAGAA TGTCCCTACT1500
TTCACTAGGA GGCAGATTAC TGAAATAGTA TTGTGGTACC AGCTGCATAA ATAGTCAGG1560
AGAGATTCT GAGGTAAATCC TGATGTAGTT GTTCTCAGAA ATGCTGAATT TATGGAAGAG1620
GACCCACTCT GGCATCTCT TGGTGATTGA GTAACCAGAC AGGGGATGCA GCTGAGCAAC1680
CTGCTTATGT GTCAGCATT AAGTAGTTACC TGATCCATCA ACATCCCGAG CAATCTGCAT1740
AAAGTAACCG GACAGAAGAG CTTCTTTAT GTTGTAGAGTG TTTTCCCTTG AGCCAAAAGC1800
AGGTTCTGCA TAGGGAAAGCT CGATTCGCTT GATAATTCT AAGAGTTCA GTCGAATAAC1860
ATCTGCCATT CTGAGTGTG AACAGTTGAG GAAGTAATCA CGACACCACT TTTCCACACAC1920

```

GTACTCACTG CTAGAATTCA GAGTTGTGTC TTGGTAAGCC TTGTAATGC TGATGAGGGT1980
 AAAGTGATCT CCTTCGGGAT GTAAAAATGT CTTCCAACAA GTCAAGGCAG CCTCTTCAGC2040
 TCCATGTGGC ACATGTGAAA AGCAATTGAG AGCTGTTACC ATGGCCGCGA TTGTTAGCAC2100
 TTCATCTACA CAGTCAAATT CACAGGACGC TAAGATAGAC TTGAGAGTT GTGGATCAAG2160
 AGGAAACTCT GACATGATGA TTCCAAATTG AGAAAGATTT CCATCATTAT CCAGTGCTGC2220
 CAGATAATCT AAGTCTTCCA ATGCCTGCAT CAAACTTCT GGTGCTGGTC TGTTCATGAA2280
 GTCACAGTGG CCTAGGCCG CAATGTCTAT CCTCTTCATA AAAAGCACCA TGCTGTTAG2340
 GTTGGCTTCC TGCATTCTG CTGGCTTCAG TGGCGTCATG TCTTGGAGG CAAATTCTTC2400
 AGTGTACAGG CAGAAAAATT TTCTGAAGA AGATGAGCCA AGAATCTGCT TCGGTATCTC2460
 TGCCTGGCTC TGGCTGATGG GCTGCATGAC GAGCGAGTT GCTCTTATTC TCAGGTTGTA2520
 CACCTTCTT CTTTCCACAC CCACATCGAT AACAAATCTG ACTGAGTTGC TCCAGATCAA2580
 AAACCTCTCCA GAGCTAGTAG TAAACACCAC TCTTCTTGA TAAACTTGGC ATCTTTTC2640
 TGTTTCATCG AGTGGCTTGA ACAATGAACA TTTCTCTTT GGATACAAAG GAACAAACCAC2700
 CAGTTCTCCA AGATCTGGGT TTAGGTTAGA TCCTTGATAG ACAGTTTCAC AGACTTCTC2760
 AATATCTTGT TCACAGGCCA GAAAGACTAC AATGTCACCT TTCTCACCCG AGTGGTGAAT2820
 TTCAAAGATA AGGCGTAAAA TAGACTCAA AGAACCTTT TGAGCCTCAC TAAGGTACAC2880
 AACCTCCACA GGGTGTAT TTTTCACTTC TATGACAGGC ACGTTCCAT AATAAGAATT2940
 GAGTTGCTG ATCAGGTGAG GTGAGGAGTT AATTATGAGC TTCAGTTCTG GTCTTGCTAG3000
 TAAAACATCT TTAAGAAGTC CAAGTAACAC ATCAGTTGCA ATGTTCTTT CATGAATATC3060
 ATCTAAGATG ATGACCCCAT

3080

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156 :

GAGTGAGTGA GTGTGTTGCA TCGAATTAAG GACTCTGAA GAGAAGAGAG GTCCATTAG 60
 GGTTGTCAG ATTGAAGTGA GGTCTCACGG TGAAAAGAAA AGAAAATAT TCAGACTCTC 120
 TTGAAATCCA AAGAGCAAGA AGTAAATGAA CTTCTGCAAA AATTCCAGCA AGCTCAGGAA 180
 GAACCTGCAG AAATGAAAAG ATACTCTGAG AGCTCTCAA AACTGGAGGA AGATAAGAT 240
 AAAAAGATAA ATGAGATGTC GAAGGAAGTC ACCAAATTGA AGGAGGCCTT GAACAGCCTC 300
 TCCCAGCTCT CCTACTCAAC AAGCTCATCC AAAAGGCAGA GTCAGCAGCT GGAGGGCTG 360
 CAGCAGCAAG TCAAACAGCT CCAGAACAG CTGGCGGAAT GCAAGAAACA ACACCAAGGAG 420

GTCATATCAG TTTACAGAAT GCATCTTCTG TATGCTGTGC AGGGCCAGAT GGATGAAGAT 480
 GTCCAGAAAG TACTGAAGCA AATCCTTACCC ATGTGTAAAA ACCAGTCTCA AAAGAAGTAA 540
 AGTGGATTCC TTGGCAGGAC ACTGCCCTT GTCATCTGTC TTTGTGTTAG ATCCAGAGTT 600
 GTCGGCAGCC GCTGCCATTG TTCTCATTG TGTTATGCAC TGTGGCCTAG CGTAGTTCTT 660
 CCCTTTCCAA AGGTTTCTGA GGACTTCTCC CAGGAGAAGA CTGCCGCCT CAGAACTGCT 720
 TAGAGACTTC AAACCAGCAG AGGTGAAAGT CCCTGTCTC CCTTCAGATT CCAGAGCTGG 780
 GATCAGCCAT GCCCAGAGGT CTGGTCCTGA TGCTGGCAGG GGGGCCCCCT CCTCCATCCC 840
 TGACTGGCTG AGTGGCTTA TCACCACCGA GTGATGTGCT GAGGCCTCCT GCAGTGAATG 900
 CTCCTTCCAT TCCTGTACTC GGGCAGTGCC ATTCAAGCACA GGAGAGCTCT TTTTGCCTTT 960
 GGCTTCAAT TCCAAAACAT GATTAAATT CTAACTAAAT TAGTATGGCA CTAGTTATGA1020
 AGTATCTGCT TAAAACCCCT CATCATGATA TCCTGTGGAT TAAAAAACTC TAATTCCATG1080
 TTTTCTTCCC ATCTGCCTTA TATATCTCAT CACCCCTGCTT ATCAATATTC AGTTTGATGA1140
 GCACTATTAA CTAAAATATG AACTTAAAAA ACAAAAGCAA GTTGTCCCTA AAAGTTCTT1200
 TTTAAGTAA ATTGTTGACA TACTGCAAAT TTTCTATGCA AACTTGCCTC CTGCTGTTAT1260
 CTGTGAAGCT CAGGAAATCC AAACATTGTG GTTCAACAA GGGACAGTAA ACTGTGTGTT1320
 TACAGCCAA AGAAATGCCT CATAGTTCTT AACCTCAACT TTTGTAGAAG TATTTTTTC1380
 TCTGTAATAT TTTTATTGGC TCATAAAAGAT GTTTTCATAT CTGAACTCCT AAATAAGTGA1440
 AATTACAGTA GATTATATTA ACAAAATACT TTTTAGGTAG CCATGCTTGA GACTTTTAA1500
 AAATATAACT TTTTCTTAA AGTTTCAGC TATAGCAAAA GGTAGTTATG TATGCCAGAC1560
 CTAATATGAG CTGCCACCAA CACCCCTAGA ACTTCAGGCC ATGGTGTCTT CAGAATTGTA1620
 GCGCATTCT GAATCTAGCA AATCCTCCTT TTACCCGTTG AATGTTTGA ATGCCCTGAC1680
 TCTACCAGCG CCCATAAAATG ATCTCTAGAA GGACTGTTAG TACCAATCTG TTTTCAACT1740
 TTGAAGCTAA AAACCCGTAT ATGGTAATAT TATGGTGCAT AGCAGAGGTC TCGGAAAAAA1800
 AATATTCTG TTCACTTTAC TTTCAGGTTA AAAATGTTTC TAACACGCTT GCAACTTCCC1860
 TTATGGCATT AATCTGTTG AGGGAGAGAG ACAGAATCCT GGACTCTCCA AAGTATTAA1920
 CTGAAAGTAG GCCCTGCTCT GACAGGGCCC ATGTCCCACA AGGCTGCTTG GCCTCAGTGG1980
 GTGCTGGCT GTGCTGGATG ATATGTTGAT CTGTATTGGA TAAGGACCAA TGACAGCAAA2040
 GCAAAATGG CTTTAAAGCT TGGTGTACT TTTCTTAAGT TGTTAATTAG TAGTTAAGCA2100
 ATTCAAAAAA TGCTCCAAAG AAATGTGAA GGACCTTTG TCACAGCACT TCAGAAAATA2160
 CACAACAGCC CCTTCTGCC CCCCACAGAA ATGCTGCAGA GTATATAAAA CTTGAGACAT2220
 TTTGTAGGA TGCCTGACGA GGTGTAGCCT TTATCTTGT TTCCGGATGC ATATTATTA2280
 CGAGTACTCT GTTAAATAT TGAAAAGTTA TATGCTGTAG TTTTGTAT TTTGTCTTG2340
 TAATTTACAG AAGTTATTGG AGAAAATAAA CTTGTTCAT TTTGCAAAA AAAAAAAA2400
 ATGAAAAA

2407

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1625 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157 :

TTTTTTTTT TTTTTTTTT TTTTTTTTTA AGGTCATCTA GTTGTATTGT 60
 ATCAGAACAA GCAAGGAAAT CCCATAATGT TCTTCAACT GTTTTACCT ATAAGATTT 120
 GCAACCAAAG ACTTCGGCT AAGATGGCCA CAGGACATTT AACTTGTAG GGCTAGTATG 180
 AAGGTACTAC AGGTATAATG CACATCATCT AGCCCACCAAG GAAGGAAATA TGCTTAATAA 240
 CTTGCCAG GCTGTCCCAG GACAAGGATC TCTAGAGAAA AGACAACCTA CAGACTAGTT 300
 GCTGCTGTT TTCCAAAACA TTTGTTGGAA GAAATCACAT GACACATGTA TCAGGAACAT 360
 TTTCTAATTA TGTATATAAA TGGATATGTG ATATGTGTG TATTTGTGTG CTAATGTCC 420
 AAGTGAAGTT CTGCAGACCA TCTGGGTCAA AGTGCATTTC GCATGATCAA AAATGAAGAA 480
 CCACTGGTTG TCACGGAGAC AGGGAAAAAA AAAAGAATGG GGAAAAATGC ATGACAGAGT 540
 CTTTACTTTT AAATGATTAT CGATACACCA AGTAATACAT GAAACAAGTT CTTGAATTCT 600
 ATCATCTAGT AATTTGATT AAGAGAAACT AAAAGCAGCC CAAACAATT CACTAGTATT 660
 CACTGTTCTA ACCATTAGCA AGAATGGACT ACTTTAAGGC TGGCTGTC TTCACACAGG 720
 TTACAAAGAA CTATTIACTA CTTTTCTATA GATAAAAGCCC CTGACCTCA AGAAAGTGT 780
 AGGGAAAAAA ATTATTAAT CCCTTCCTT CTTCAAAGAA TTGTTATGTG GTTTTTTTT 840
 TTTTAAACT AGATCTAAGA AAGAAAAAGT CAACACTGAT ATACATGTG CTTGAGCCAA 900
 AAGACATAGG AAAAAAAAGAC AACATATAAC CATTAAATT CTAAGAAATA TGAGGTAAGA 960
 AGATGAAATC TTTAGATAAT TTCTAAGTCT GTACAAAAAA GCTAGATTG CTACTCTCCA1020
 AAAAGTGGAA GGACCTATTA TATAATATAT GGAAATAATT TAATGCCATA TCATAAGAAT1080
 GTAACTAGAG CTGTGCTAAG CTTCATATTG GTGAGGGCAT CTAAAATGCC ACTCCACAGC1140
 ACAGGTGCTT CTCTCTTCTA TCCATTTATG CGGTAGTTT CATGGATTT TGGCCGAATG1200
 TCACAGACAA AAGCCAAGAG GTTGTCCAAG ACTTCATCCC TGTTCTGCCG GAAGTATGTC1260
 TGGAGGATGG TCATCTTCTC CTGGGTCTCC TTCTCCACTT CAGTGCTGCA ACTGCCACGG1320
 GATCCCAATG CCGCAGCTC CTTGGCCTTG AATTCTTTCT CCCTCTGCAG GCGGTACTGT1380
 TCAATTTCAG CCTGAGCTC TTCTTGCGCC TGCTTCAGCC TCCGGTTCTT TCTTTGCGG1440
 GCCTCGGACA CCTTCTCGGC TGCCCGCTTC TCGGCCTGCA GCAGCTGCTG AATCCCTGA1500
 GACTGACTAG CCATGGCGGC AGCGATTCTG AGAGCAAGGC AAGCGGCCTA AGGCACCTCG1560
 AAGGCCCTT GGGTCAGCTG ACACAGCCGC CCACAATCTG CGCTTGCTCC TTGCGCCTGC1620
 CTTCG 1625

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1402 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158 :

TAAAGCTGCG GCGGCGGTTC GCGTTCTCG TGTCCGCTTG ACTGACAGCT GCGCGGCGGG 60
 AGCGGGCGGC GCGAGCGGGG GCGGGCGGGC CAGAGCTTGG GGCTTCCTTG GTCGCACCCA 120
 CCACCTGCCT GCCCCACTGGT CAGCCTTCAG GGACCCCTGAG CACCGCCTGG TCTCTTCCT 180
 GTGCCAGCC CAGAACTGAA GCGCTGCGGC ATGGCGCGC CCTGCCCTCCA GGCCGTCAAG 240
 TACCTCATGT TCGCCTCAA CCTGCTCTTC TGGCTGGGAG GCTGTGGCGT GCTGGGTGTC 300
 GGCATCTGGC TGGCCGCCAC ACAGGGGAGC TTCGCCACGC TGTCTCTTC CTTCCCGTCC 360
 CTGTCGGCTG CCAACCTGCT CATCATCACC GGCGCCTTG TCATGGCCAT CGGCTTCGTG 420
 GGCTGCCCTGG GTGCCATCAA GGAGAACAAAG TGCCTCCTGC TCACTTTCTT CCGGTGCTGC 480
 TGGTGTTCCT GCTGGAGGCC ACCATCGCCA TCCCTCTTCTT CGCCTACACG GACAAGATTG 540
 ACAGGTATGC CCAGCAAGAC CTGAAGAAAG GCTTGCACCT GTACGGCACG CAGGGCAACG 600
 TGGGCCTCAC CAACGCCCTGG AGCATCATCC AGACCGACTT CCGCTGCTGT GGCCTCTCCA 660
 ACTACACTGA CTGGTTCGAG GTGTACAACG CCACGCCGGT ACCTGACTCC TGCTGCTTGG 720
 AGTCAGTGA GAGCTGTGGG CTGCACGCC CCGGCACCTG GTGGAAGGCC CCGTGCTACG 780
 AGACGGTGAA GGTGTGGCTT CAGGAGAACCT TGCTGGCTGT GGGCATCTTT GGGCTGTGCA 840
 CGGCGCTGGT GCAGATCCTG GGCGCTGACCT TCGCCATGAC CATGTACTGC CAAGTGGTCA 900
 AGGCAGACAC CTACTGCGCG TAGGCCGCC ACCGCCGCT TCTCTGCCAA AAGGACGCC 960
 ACGGGGAGAT GGCGCACCAC ACAGCTGCC TTCCCACAC CAGCCTCGGT GCTCTGCC 1020
 ATGCTGGGAG GAGGGAGGGGA GGGACAGGTG CCTGGAGGCC CCGGAACCCCT GTTCTGGAA 1080
 GGCCCTGGCT CAGGTGGCTT CAGGGCCTCC GGACCCCCCCC TGGGAGGGGT GGCCACGTGC 1140
 TGGCTGCGGA ACCCAGGGCA GGGGTGGGAG GGGCCTCCAG CACTTTTTAT ATTTACGTAT 1200
 TCTCCAAAGC AGTGTTCACA CGGGAGCCAG CCTGTGGCCC CCAGCCTCCT GGAAAACAGG 1260
 TTGGCGCTGG AGGAGCCGGG TCTTGGCATC CTGGAGGTGG CCCCACCTGGT CCTGGTGCTC 1320
 CAGGCGGGGGC CGTGGACCCC TCACCTACAT TCCATAGTGG GCCCGTGGGG CTCCTGGTGC 1380
 ATCTTAATAA AGTGTGAGCA GC 1402

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2159 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159 :

TAGAATATTG ATGTGAGTTC ATTCCTCCCT GCTGAGATTG TTCAGCTCCT CCTTCCCTGC 60
 TATACCGACT GGACTTGAAC ACTAAGTCTT CAATAGCTGA GATTCTCCAT CTTAATCTAC 120
 TTGGAGGCAA GAGCAGATTG GTTGTTCAT TATGGATGGA GGGGATGATG GTAACCTTAT 180
 TATCAAAAAG AGGTTGTGT CTGAGGCAGA ACTAGATGAA CGCGCAGAAA GGAGGCAAGA 240
 AGAATGGGAG AAAGTTGAA AACCTGAAGA TCCAGAAGAA TGTCCAGAGG AGGTTTATGA 300
 CCCTCGATCT CTATATGAAA GGCTACAGGA ACAGAAGGAC AGGAAGCAGC AGGAGTACGA 360
 GGAACAGTTC AAATTCAAAA ACATGGTAAG AGGCTTAGAT GAAGATGAGA CCAACTCCT 420
 TGATGAGGTT TCTCGACAGC AGGAACATAAT AGAAAAGCAA CGAAGAGAAG AAGAACTGAA 480
 AGAACTGAAG GAATACAGAA ATAACCTCAA GAAGGTTGGA ATTTCTCAAG AGAACAAAGAA 540
 GGAAGTGGAA AAGAAACTGA CTGTGAAGCC TATAGAAAACC AAGAACAAAGT TCTCCCAGGC 600
 GAAGTGTGG CAGGAGCTGT GAAGCATAAG AGCTCAGAGA GTGGCAACAG TGTGAAAAGA 660
 CTGAAACCGG ACCCTGAGCC AGATGACAAG AATCAAGAGC CCTCATCCTG CAAGTCTCTC 720
 GGAAACACCT CCCTGAGTGG CCCCTCCATC CACTGCCCCCT CTGCTGCAGT ATGTATCGGC 780
 ATCCTCCAG GCCTGGGTGC CTACTCTGGG AGCAGCGACT CCGAGTCCAG CTCAGACAGC 840
 GAAGGCACCA TCAATGCCAC CGGAAAGATT GTCTCCCTCA TCTTCCGAAAC CAACACCTTC 900
 CTCGAGGCC CCTAGTTCT CCGTCCCTAC ACAGGGAGCT CCTCCCCAAG GGTAGATCGG 960
 ACCGTTCATG CTGCCTATAG GCATTATGTC CCTCAAAAAAA AAACCTCCTT GCCTGCATCC1020
 TGTGTACAAC ATGACATTT TAACCAATCC AATCTAAAAA TGTGCCAGAA TCCACCTGTG1080
 GCCCGAATCG TGTTGGTTC CTCTTCTAC TCCACTGCG AGTACCAAAAC CTGTCCGCT1140
 GCCCACTTCC TCACTGATAT TGGGGAGGAG GCAAGGCCA GCCGAAGTTC CACTAAAAT1200
 GCCCCAGGAG AATAGGCACC GGCTGGCTTG CCAAAGGGTT TGGGTTTTAT TGCTTCTGT1260
 TTTTCTTT CCCGACAGCA CAAAGAAGTA AGGGCAGTTA TTGGACAGGT GTTATTAAA1320
 CATTCTATTG TAAATGAATG TGTTGTTTGG TTCTACTGCA TTGTGGAGCA TGCGGGGAA1380
 GAGAACTGAC CCAGGTAATG AAATGGAGCC CTTCCCTGGA ACTAACCAAGT CTTGATGTT1440
 GTGTGACTAA GTAAAGATGA TAAACCCCAT CTGCTGGGG TGTCACTTCA CACTCGGCAT1500
 GCATTGTGAA AGCTTCCAT ACCCTGGCC ATTCCCTCTC TCCTCTCTCT CCAACCCAT1560
 TTATGCAGGA AGGGACTGCT AACAAAGAACG CTTCCATCTC AAACCTTTTC TCTGCCTGGG1620
 AAATTATTT ATGTTTGTGTT TTGAAATAAA GGATTTAGTT TAAGATTCTA AATTTAGAG1680
 AAACAAACGT AGGCCTGTT TACTAATAGC CAGACATCAG AACTGCAGGT AGGTATGTTA1740
 ATGAGATGAC TTATTTCTGG CAGCTCTGG AATCCTAATA TTGTAAATGA GTGGGACACA1800
 CTTGCATATT GTGACCATT TATTGAGGCC CTTCTCTGTT TAATGCATAT TATACTTGTC1860
 CTTTTAACTG TGGAAATCTAT TTCTAACCTA AAGGTGCTGC CCTAGTACTT TTCTTTGCT1920
 GCCTCTGCTG CTCTTTTCC TTTCCCAAAC AGCAAACCT GAGGCCATGA GCAGCAGAAA1980
 ACTAGAGGTA CTGCTCCACC TCGTCTCATA AAGGGAAACG GGCTCATCCC TTGGATTCTG2040
 GAGGAGGGAG AGGGAGATGG TGTGGAGGCT CGAGGACAGA GAGGAGACATG AGTTGACAA2100
 CAATCTGTAG GCCGCCTGGC TTAGAATAAG CAGTACCTTC TTATCATTCC GCTATTCCC 2159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2795 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 :

TCACCCGCCT TAGAAAATTC AAAGAAAGAT GGGAAAGGAAA GTCCTGAGGA ATATAGACAG 60
 ACATTTTAA CCGCAGACGT TAAAGGTCT CCAAAGAAAT CTCGGAGTCC ACGGGAGTCC 120
 CCCAAGAAGG CCAAGAAGTT AGAAAGTCATC ATCGGGAAAGC CCCAGGGGTC TTCTAGTTT 180
 GACAGAGAAT TAGAAAGAGA GAAAGAACCC CAGCGACTAG AGCGTGAAGC CAAAGAAAGG 240
 GAGAAAGAAC GGCAGAGATC CCGAAGTATT GACCGGGGT TAGAACCGAG GCGCAGCAGA 300
 AGTAGGGAAA GGCATAGAAG TCGCAGTCGA AGTCGTGATA GGAAAGGGGA TAGAAGGGAC 360
 AGGGATCGAG AAAGAGAGAA AGAAAATGAG AGAGGTAGAA GACGAGATCG TGACTATGAT 420
 AAGGAAAGAG GAAATGAACG AGAAAAGAAA GGTCCAAGGA ACAGAGAAGT AGGGGAGAGG 480
 TAGAAGAGAA GAAACATAAA GAAGACAAAG ATGATAGGCG GCACAGAGAT GACAAAAGAG 540
 ATTCAAGAAGA AGAGAAAAAA CACAGTAGAA GCAGAACGAG AGAAAGGAAA CACAGAAGTA 600
 GGAGTCGAAG TAGAAATGCA GGGAAACGAA GTAGAAGTAG AAGCAAAGAG AAATCAAGTA 660
 AACATAAAAAA TGAAAGTAAA GAAAATCAA ATAAACGAAG TCGAAGTGGC AGTCAAGGAA 720
 GAACTGACAG TGTTGAAAAA TCAAAAAAAC GGGAACATAG TCCCAGCAAA GAAAATCTA 780
 GAAAGCGTAG TAGAACAAA GAACGTTCCC ACAAACGAGA TCACAGTGAT AGTAAGGACC 840
 AGTCAGACAA ACATGATCGT CGAAGGAGCC AAAGTATAGA ACAAGAGAGC CAAGAAAAAC 900
 AGCATAAAAAA CAAAGATGAG ACTGTGTGAA AATATTTGT AAAAGTGGAT CACATTGAAT 960
 CCTATAAATG ATTAATCTG CTTTTTCCC CCACGTTGAG ATTGTGCAGT AGTCGCACT1020
 CCTCAAGCTC TCCCTGTAGG CTGCATTTTC ATTCCTCTT TCGTGTAGGG AAGTGCCTT1080
 GTAATTCCAT TTATTGCATT GGTGTTTCA CCCAATTGTT AAGTTGATA CATGATGCAC1140
 AGATTGTTCT TGCATTTTA TTGTTGTTT TTGAAATGTA CAGTCTGTAC ATATGTCCTG1200
 AAAATGTTT AATTCCCTTG GCATGGTTGC CATGTTGGTT AAATTTGTAT AAGGCAATAA1260
 ACTGCCACTA ATCTATTTT GTTTGTAGG TGTGGGATTA TGGTTGTGT ACTGAAGTTA1320
 GCATGGCTGT GCTTTCGTA ATAGAATGCT AAAGACTTTG AGAATGGATC TTGGATGTCT1380
 ATTATAGGAG AAGTATGTG TGCAATGTA CAAGAAGGCA GCATTGTAGG ATTAACATTC1440
 TTGTCTACTG TATATTATCT TGAAGGCTC TTGTTAATAT GTTACACTTA ATATTCTCCA1500
 CAGTTACCTT TAGAGAGAAT TTATGAGAAG TTAGTTCTG ATGCAGAGGT TTTTAGGCTG1560
 TGATTTCATC AAAAGTCCTT TTAGCATTCT ACCTCAAAGG GACACTTAGT ATGCCTAAA1620
 TTTATTCACT TAGTTTCCT TTTTATTTG AAAAATACA TGACATGTAA TCTTTTTTC1680
 TTGAATTCTT TCTCAGATT TAAAGTACTA TATTAAGAA AAAAATTAAT GTCTAAAGCC1740
 TAGCATTCTT GCAGAACCTT ATACTAACAT GTAATGGGA GAGGGTGGGG CAGATGAGTA1800
 GAGAAACAGA TTCAAGCCTC AAGCTTCCAA AGCATTTTA TAAATGGAAA ATCCTAAAT1860
 TATGAAACAG CTTGATATAG TGTCTTTT TTAAATTCA GAACTTTTT TATTGATAAT1920
 GGAGATTGCT GTTGAGTTT TAAACTTAA TCTAGAACAG AGGAGTATTA AAAGTAATGC1980
 TGTGCTGCAT TATTAAGAC TATCAGCAAA TTATTTGATA GATTGTTCTT ACAACTTGTAA2040
 TTCTGATTAC AGAACCATCA TGAGTGTGGA ATAAATACTG GATTAATCC TTTATCCTGG2100
 GTCTGGCTT TTCCCCCATT TGTAAATT TTTAGCATA TTTATATTGT GGAAATTGAT2160
 GAAACGTCAG TAGAGTCACA CTTGTGTAC AGGGATGTCT TAGTGCCTCAG ATGACAAGTG2220
 AATTTGGAG AAATGCATAG ACTGGGATTG GGCATGTGGT AATCAATAAT CTTTATTAGA2280
 ATACTTGATA ATGGCAGTTC CCTTTGTCA GGGTTGTTAC ATGTGTCAATT TGATTACTT2340
 GTTCCATGTC AAAGACGTTT ATTGGATAC CTTTACTTG GACAATATGT TAGCATTTTT2400
 TAAAATTGG ACTTGAAATT CTTAAGATA ATTCAACCAA TTCTTTTAG AAAAGAAAAT2460
 AGAGGCCAA AGTAATGATG TCAGTGCTAG GGCTAAACT CAGTATTCTG ACAGTGTAGT2520
 GAACCTGGCA CGCACATTGA GTTTGTTT ATCTCACTGG TTAACTGGC CAACTAATGC2580
 GCACTCAGAA GCCACCTTGC AAAATGTAA AATGGAGCAA ACGAGTACAC TTGCAAGAGT2640

CCTCCATATG TGGGCTTAAC ATATGTACCA CTCCATTAA GAAAAATCTC ATAAATGAA2700
 TTCTTCTAAA AATGATATGC TTTTTCTT TTTAAGAAAA TTCCTTGTC TTTAAATTG2760
 AGCATCAAGT GAATTAGTGC TATAGACACC CAGAA 2795

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1711 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161 :

TCGGCGAGCA ACGCTGGAGC ATCCCGCTCT GGTGCCGCTG CAGCCGGCAG AGATGGTTGA 60
 GCTCATGTTG CCGCTGTTGC TCCCTCTTCTT GCCCTTCCTT CTGTATATGG CTGCGCCCCA 120
 AATCAGGAAA ATGCTGTCCA GTGGGGTGTG TACATCAACT GTTCAGCTTC CTGGGAAAGT 180
 AGTTGTGGTC ACAGGAGCTA ATACAGGTAT CGGGAAGGAG ACAGCCAAAG AGCTGGCTCA 240
 GAGAGGAGCT CGAGTATATT TAGCTTGCGG GGATGTGGAA AAGGGGAAAT TGGTGGCCAA 300
 AGAGATCCAG ACCACGACAG GGAACCAGCA GGTGTTGGTG CGGAAACTGG ACCTGTCTGA 360
 TACTAAGTCT ATTGAGCTT TTGCTAAGGG CTTCTTAGCT GAGGAAAAGC ACCTCCACGT 420
 TTTGATCAAC AATGCAGGAG TGATGATGTG TCCGTACTCG AAGACAGCAG ATGGCTTTGA 480
 GATGCACATA GGAGTCAACC ACTTGGGTCA CTTCTCCTA ACCCATCTGC TGCTAGAGAA 540
 ACTAAAGGAA TCAGCCCCAT CAAGGATAGT AAATGTGTCT TCCCTCGCAC ATCACCTGGG 600
 AAGGATCCAC TTCCATAACC TGCAGGGCGA GAAATTCTAC AATGCAGGCC TGGCCTACTG 660
 TCACAGCAAG CTAGCCAACA TCCCTTCAC CCAGGAACCTG GCCCGGAGAC TAAAAGGCTC 720
 TGGCGTTACG ACGTATTCTG TACACCCCTGG CACAGTCAA TCTGAACCTGG TTCCGGCACTC 780
 ATCTTCATG AGATGGATGT GGTGGCTTTT CTCCTTTTC ATCAAGACTC CTCAGCAGGG 840
 AGCCCAGACC AGCCTGCACT GTGCCTAAC AGAAGGTCTT GAGATTCTAA GTGGGAATCA 900
 TTTCAGTGAC TGTCTATGTGG CATGGGTCTC TGCCCAAGCT CGTAATGAGA CTATAGCAAG 960
 GCGGCTGTGG GACGTCAAGT GTGACCTGCT GGGCCTCCCA ATAGACTAAC AGGCAGTGCC1020
 AGTTGGACCC AAGAGAAGAC TGCAAGCAGAC TACACAGTAC TTCTTGTCCTA AATGATTCTC1080
 CTTCAAGGTT TTCAAAACCT TTAGCACAAA GAGAGCAAAA CCTTCCAGCC TTGCCTGCTT1140
 GGTGTCCAGT TAAAACCTCAG TGTACTGCCA GATTGCTCTA AATGTCTGTC ATGTCCAGAT1200
 TTACTTTGCT TCTGTTACTG CCAGAGTTAC TAGAGATATC ATAATAGGAT AAGAAGACCC1260
 TCATATGACC TGCACAGCTC ATTTTCTTC TGAAAGAAC TACTACCTAG GAGAATCTAA1320
 GCTATAGCAG GGATGATTTA TGCAAATTG AACTAGCTTC TTTGTTCACA ATTCAAGTTCC1380
 TCCCCAACAA CCAGTCTTCA CTTCAAGAGG GCCACACTGC AACCTCAGCT TAACATGAAT1440

AACAAAGACT GGCTCAGGAG CAGGGCTTGC CCAGGCATGG TGGATCACCG GAGGTCAGTA 1500
 GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGTGAA ACCCCACCTC TACTAAAAT TGTGTATATC 1560
 TTTGTGTGTC TTCCTGTTA TGTGTGCCAA GGGAGTATT TTCACAAAGT TTCAAAACAG 1620
 GCCACAATTA ATTCAAGGAGT TGGGAGGGAA AACCAAGTGGC CATTCCAGTC TTTTTGGCAA 1680
 TGGAAATGGG TGGCGAAGG GGGTGTGGT T 1711

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 271 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

RXGCPRXMPX AKSXXVXXTL GXLXPXPGXG LPNXXSEXRX CRAXWRXLPD RXLQMLXSPC 60
 SPAXXGPAPP AGRXFXRGX A XHAXPXXPR SLRASASRAQ SPACXLVVVC ASXILASXVL 120
 XXSSRNASSS LSVRLADCA X VPQVNHPGLL ELSLSAVALV ADPAQAVQAX GWXLRSFSSX 180
 XSVVXCCAGR XPLXVAXGXE GLXXRSRGIS SVLLXGLXAG RCTRELSLCD AGTPARACPX 240
 SSPENFPEXL RLVP TAFPAW GHPXPVXPGC H 271

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LTCGTXAQSA NLTDKELEAF REEXXSTFEA KIXEAXTTTR XXAGDCAREA EARRERGXXG 60
 XACXAAXPRX KXRPAGGAGP KXAGLHGEKS ICRXLSGRXL XXARXQRXSE XXLGXPXPGX 120
 GXRXPVXXT XXLLAXGIXR GQPxRQGGWG WHXVSRQEGX VSGDXQPLPS RHXGLVVVAI 180

WV

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

```
PVGPGXRSPPPT SRTRSWRRSG RSXXAXSKPK SXKHXPLPEX XLEIAHEKLR HAESVGRXAX 60
RVEPXSRRXS XALLEGDXR XLGYTVXEAS AGXCPAGXSX ELGXNEXLXG XWGXPSPAXE 120
XGXXAXXGPX GSWPVAFXVD SPAVRVAGAG TGCRGRKDXF IVTCSRERRD TXA WWW 176
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

```
IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIQDQ VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

QMqhfaatLQ ASllsGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60
TLPsLQERID ADRRawTDVm RTKENRWLEM TFIQGHFVRP 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

GSSKMLHLLE SHKLTWSLNV HSWITSLSIL FSSVNFDGIF PQFQKLEKLV FCPLLQGHQG 60
TRFLLHILLY GKNDLGSLLC FLVSRVSEEP F 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKVNML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIETKMLA AYLYEVSQLK D 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

SVLFCPLHHP HPPPSGVCAA AAVAAAAAAA ARPVTPTRG SLFPLLDLLS FFVEEASMGA 60
QFSKTAAKGE AAAERPGEAA VASSPSKANG QENGHVVKNG DASPAAAESG AKEELQANGS 120
APAADKEEPA AAGSGAASPS SAEKGEAAA AAPEAGASPV EKEAPAEGEA AEPGSATAAE 180
GEAASAASST SSPKAEDGAT PSPSNETPKK KKKRFSFKKS FKLSGFSFKK NKKEAGEGGE 240
AEAPAAEGGK DEAAGGAAAA AAEAGAASGE QAAAPGEEAA AGEEGAAGGD PQEAKPQEAA 300
VAPEKPPASD ETKAEEEPSK VEEKKAAEAG ASAAACEAPS AAGPGAPPEQ EAAPAEEPAA 360
AAASSACAAP SQEAQPECSP EAPPAAEAE 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

GAATESQTRP SCPGAARIPL ATIPTQIASC PWMSRAALTP PHTRQTARTM GWELRKNGTR 60
 PGAPSTAPPK GTLWPTTFRP AGPTQSLAES DSEDPSGKPR LKVETKVSVE LHREEQGSHR 120
 GEYPPEPGER GRTGLASSQP PEQRKGILKN KVTPPPLTL TEQTLKGRLR EKLADCEQSP 180
 TSSRTSSLGS GGPDCAITVK SPGREPGRDH LNGVAMNVRT GSAQADGSDS EGSNETSI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

SFITAFRVGA IGLGAPSAHI HGHPVEVVTP RLPPRALDCD GAVGAARAQG RRARGCGALL 60
 TVGQLLPEPA LQRLLRQRQR RRVGDFIFQD AFPLLWGLAA SKPCAPPLSW FRGVILSTVTA 120
 LLLAVQLHAD LGLHLQAGLA AGVLTVTLSQ ALGRASRPER GWPQRPLWGC CGRRPWPGPPI 180
 FPQLPPHRPR CLTSVRRRKS CSAHPGTARY LSRNRGQGDP CSSWA 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 344 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

TSGSLPPSAR PESTTSSPPS APALPSVSPG SSPRPGDQEP PALRCGREAL AGAEELKGGV 60
 PGPEGRGAGA QGREHPAPLP RLLLPSPPLP VPCKQQPELP SVRAAEAMSSS SPPAGAASAA 120
 ISASEKVDGF TRKSVRKAQR QKRSQGSSQF RSQGSQAEHL PLPQLKDATS NEQQELFCQK 180
 LQQCCILDFD MDSVSDLKSK EIKRATLNL VEYVSTNRGV IVEAYS DIV KMISANIFRT 240

LPPSDNPDFD PEEDEPTLEA SWPHIQLVYE FFLRFLESPD FQPSIAKRYI DQKFWQQLLE 300
LFDSEDPRET DFLKTVLHRI YGKFLGLRAF IRKQINNIFL RFXI 344

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

QKSSCCSFEV ASLSWGGSGCS SAWLPWLRNC DEPWERFCLC ALRTDFRVKP STFSEAEMAA 60
LAAPAGGDDDD DISAALTGGS SGCLQGTGS GGDGRRRRGR GAGCSRCPAP APRPSGPGBT 120
PSFSSAPANA SRPHLSAGGS WSPGRGELPG LTEGRAGAEG GEEVVVDSGRA DGGREPEV 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

DVAVRRWRAP RRSSAASRGR RAVGPGRRGA STPRLSPASS CRLRRCPCLA SSSRSCQASG 60
PRRCRRRRRR RGLPAPPSPR RRKWTASPGN RSARRGRSA PRARRSFAAR AARQSCTRCP 120
SSKMLQMNN KSFSVRSCSS VVYCLISWTL FQT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

GVIILDDIHE RSIATDVLLG LLKDVLARP ELKLIINSSP HLISKLNSYY GNPVIEVKN 60
 KHPVEVYVLS EAQKDSFESI LRLIFEIHHS GEKGDIVVFL ACEQDIEKVC ETVYQGSNLN 120
 PDLGELVVVP LYPKEKCSLF KPLDETEKRC QVYQRVVLT TSSGEFLIWS NSVRFVIDVG 180
 VERRKVYNPR IRANSLVMQP ISQSQAIEIRK QILGSSSSGK FFCLYTEEFA SKDMTPLKPA 240
 EMQEANLTSM VLFMKRIDIA GLGHCDFMNR PAPESLMQAL EDLDYLAALD NDGNLSEFGI 300
 IMSEFPLDPQ LSKSILASCE FDCVDEVLT AAMVTAPNCF SHVPHGAEEA ALTCWKTFLH 360
 PEGDHFTLIS IYKAYQDTTL NSSEYCVEK WCRDYFLNCS ALRMADVIRA ELLEIIKRIE 420
 LPYAEPAFGS KENTLNKKA LLSGYFMQIA RDVDGSGNYL MLTHKQVAQL HPLSGYSITK 480
 KMPEWVLFHK FSISENNYIR ITSEISPELF MQLVPQYYFS NLPPSESKDI LQQVVDHLSP 540
 VSTMNKEQQM CETCPETEQR CTLQ 564

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

KLNHVLELKA KGKKSSPVLN GTARVQEWEK HSLQEASAHH SVVIKPLSQS GMEEGAPLPA 60
 SGPDLWAWLI PALESEGMTG TFTSAGLKSL SSSEAGSLLL GEVLRNLWKG KNYARPQCIP 120
 RMRTMAAAAD NSGSNTKTDD KGQCPAKEST LLLLRLVFTH GKDLLQYFLD IFIHLALHSI 180
 QKMHSVN 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

KEKENIQTLL KSKEQEVNEL LQKFQQAQEE LAEMKRYSES SSKLEEDDK KINEMSKEVT 60
KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQQLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY 120
AVQGQMDEDV QKVLKQILTM CKNQSQKK 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

MISRRTVSTN LFFNFEAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKNVSNT LATSLMALIL 60
LRERDRILDS PKYLTESRAC SDRAHVPQGC LASVGAWLCW MIC 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

LTAARRERAAG RAGGGGAEGLG ASLVAPTTCL PTGQPSGTLS TAWSLSCGQP RTEALRHGAR 60
LPPGRQVPHV RLQPALLAGR LWRAGCRHLA GRHTGELRHA VLFLPVPVGC QPAHHHRRLC 120
HGHRLRGLPG CHQGEQVPPA HFLPVLLVFL LEATIAILFF AYTDKIDRYA QQDLKKGLHL 180
YGTQGNVGLT NAWSIIQTDF RCCGVSNYTD WFEVYNATRV PDSCCLEFSE SCGLHAPGTW 240
WKAPCYETVK VWLQENLLAV GIFGLCTALV QILGLTFAMT MYCQVVVKADT YCA 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

STWRQEIQIGC FIMDGGDDGN LIKKRKFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60
YDPRSLYERL QEQQKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRRQOE LIEKQRREEE 120
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

PQEGWNFSRE QEGSGKETDC EAYRNQEQL PGEVLAGAVK HKSSESGNSV KRLKPDPEPD 60
DKNQEPSSCK SLGNTSLSGP SIHCPSAAVC IGILPGLGAY SGSSDSESSS DSEGTINATG 120
KIVSSIFRTN TFLEAP 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

WCLRCLSWTR SRCSQSRHPG LGGCRYILQQ RGSGWRGHSG RCFRETCRMR ALDSCHLAQG 60
PVSVFHCCCH SLSSYASQOLL PTIQLGELVL GFYRLHSQFL FHFLLVLLRN SNLLEVISVF 120
LQFFQFFFSS LLFY 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:195:

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

LPLRLRLFDF SLLSFLCLLD FSLLLLLRF PAFLRLLLL CFLSLLLLL CFFSFLESLL 60
SSLCRLSSLS SLCFFSSTSP LLLCSLDLSF LVHFLFPYHS HDLVFYLSHF LSLFLDPCPF 120
YPLSYHDFDC DFYAFPYFCC ACVLTPGQYF GIFAVLSPFL WLHALVAGVL SLFLILCQN 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPV PSIPFPITTS TATSMPFPTS AAPAF 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

TRKERSKEQR SRGEVEEKHH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSRSSRSRN 60
AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 335 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

RRATLEHPAL VPLQPAEMVE LMFPLLLLL PFLLYMAAPQ IRKMLSSGVC TSTVQLPGKV 60
VVVTGANTGI GKETAKELAQ RGARVYLACR DVEKGELVAK EIQTGTTGNQQ VLVRKLDLSD 120
TKSIRAFAKG FLAEEKHLHV LINNAGVMMC PYSKTADGFE MHIGVNHLGH FLLTHLLLEK 180
LKEAPSRRIV NVSSLAAHHLG RIHFHLQGE KFYNAGLAYC HSKLANILFT QELARRLKGS 240
GVTTYSVHPG TVQSELVRHS SFMRWMWWLF SFFIKTPQQG AQTSLHCAIT EGLEILSGNH 300
FSDCHVAWVS AQARNETIAR RLWDVSCDLL GLPID 335

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1712 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201 :

```

gtggcagaaa acctcatgac acaaactctc cgcctccctg tgggtggaa ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg aggcttggt tgcagcagc agcaggagga ggcagagcac 120
agcatcgctg ggaccagact cgtctcaggc cagttgcagc cttctcagcc aaacccgac 180
caagaaaaac tcactaccat gagaattgca gtgatttgc ttgcctcctt aggcattcacc 240
tgtgccatac cagttaaaca ggctgattct ggaagttctg agaaaaagca gctttacaac 300
aaataccca agtctgtggc cacatggcta aaccctgacc catctcagaa gcagaatctc 360
ctagccccac agaatgtgt gtcctctgaa gaaaccaatg actttaaaca agagaccctt 420
ccaagtaagt ccaacgaaag ccatgaccac atggatgata tggatgatga agatgatgac 480
gaccatgtgg acagccagga ctcattgc tcgaacgact ctgatgatgt agatgacact 540
gatgattctc accagtcgtc tgaatgtctc cattctgatg aatctgatga actggctact 600
gattttccca cggacctgcc agcaaccgaa gtttcaactc cagttgtccc cacagtagac 660
acatatgtg gccgagggtg tagtgtgggt tatggactga ggtcaaaatc taagaagttt 720
cgcagacctg acatccagta ccctgatgtc acagacgagg acatcacctc acacatggaa 780
agcgaggagt tgaatgggtc atacaaggcc atccccgtt cccaggacct gaacgcgcct 840
tctgattggg acagccgtgg gaaggacagt tatgaaacga gtcagctgga tgaccagagt 900
gctgaaaccc acagccacaa gcagtcaga ttatataagc gggaaagccaa tgatgagagc 960
aatgagcatt ccgatgtgt tgcattgtcga gaaatccc aagtcaatcc 1020
agccatgaat ttcacagccca tgaagatatg ctgggttgc accccaaaag taaggaaga 1080
gataaaacacc taaaatttcg tatttctcat gaatttagata gtgcatttc tgaggtcaat 1140
taaaaggaga aaaaatacaa tttctcaattt tgcattttgtt caaaagaaaa aatgctttat 1200
agcaaaaatga aagagaacat gaaaatgttc tttctcattt tattgggtga atgtgtatct 1260
atttgagtct gggaaaataact aatgtgtttt ataaattgtt tagttgtgg cttcatggaa 1320
actccctgtt aactaaaacg ttcagggtt tgcattttgtt cattctatag aagaaatgca 1380
aactatcaat gtattttat atttgggtt ctctcatgaa tagaaattta tgttagaagca 1440
aacaaaaatac ttttacccac taaaaaaagag aatataacat tttatgtcac tataatctt 1500
tgtttttaa gtttagtgtat atttgggtgtt gattatctt ttgtgggtgtg aataaaatctt 1560
ttatcttggaa tggtaataaga atttgggtgtt gtcaattgtt tatttgggtt cccacgggtg 1620
tccagcaatt aataaaacat aacctttttt actgcctaaa aaaaaaaaaga gaaaagaaaa 1680
aaaagaaaaag aaaaaaaaggg gagggagggg ag 1712

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202 :

caggaggaat tctatgcctg acgcgggagc catgcgc(ccc) ctccgc(ccc) ccactcacta 60
gcac(ttt)ggg ggggtggccg ctgagtgccg agggacagga gtccactttt tttcggtggg 120
aggtaatc tagatatcga ctgtttttt cacatgttc ctctagttct ttgttcatag 180
cccagtagac ctgttactt ctgaggttaag ttaagtaagt tgattcggta tccccccatc 240
ttgttccct aatctatggt cgggagacag catcagggtt aagaagactt tttttttttt 300
tttaaactag gagaacaaa tctggaagcc aaaatgtagg cttagttgt gtgttgtctc 360
ttgagttgt cgctcatgtg tgcaacaggg tatggactat ctgtctggg gccccgtttc 420
tgggtgtctg ttggcaggct ggcagtcctt ggctggcgtg gggccggccg ctcttcctaa 480
cagtcgtgcc tgggtccatg cgctcaggcc catgctgagg cttggggccg tgccacgtt 540
gagaagcccg tggagaagt gaatgtggg actcagcctt cagacagaga ggactgttagg 600
gaggccggca ggggccttgg gatcctcctg cagaccacgc ccgtccctgccc tggccggccg 660
tctccagggg ctgttccctc ctggaaattt acgggggtt tcttgggcag agctggctt 720
gagccctcc atccaaggcc agttctccg ttagctcctg tggcccccacc ctggccctg 780
ggcttggaaatc aggaatattt tccaaagagt gatagtctt tgctttggc aaaactctac 840
ttaatccaaat gggttttcc ctgtacagta gatttccaa atgtataaaa cttaatata 900
aagtagtcct gtgaatgcca ctgccttcgc ttcttgcctc tggctgtgt gtgacgtgac 960
cgacttttcc tgcaaacacc aacatgttgg gaaacttggc tcgaatctt ctgccttcgt 1020
ctttccatg gggagggtt ctgggtccag ggtccctctg tgatgttgc tttttgttt 1080
ggcttggaaattt ctgcgtggg tggtaggtt cagccaaagggtt ttataaggc tgatgtcaat 1140
ttctgtgttgc ccaagctcca agccccatct tctaaatggc aaaggaaagggtt ggtggccccc 1200
agcacagctt gacctgaggc tgggttcaca gggagggtt ggagccgagg cctaccccgct 1260
agacacccctt gacatccccc tcccacccgg ctgcagaggc cagaggcccc cagcccaagg 1320
ctccctgcact tacttgccta tttgacaacg tttcagcgac tccgttggcc actccgagag 1380
gtggccactt ctgtggatca gagatgcacc accaaggccaa gggaaacctgtt gtccggatt 1440
cgatactgcg actttctgcc tggagtgtat gactgcacat gactcggggg tggggaaagg 1500
ggtcggctga ccatgctcat ctgtgggtcc gtgggacggc gccaaaccca gaggctgggt 1560
tcatttgcgtt aacgacaata aacggtaactt gtcatttcgg gcaaaaaaaa 1610

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-148, 162-198.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

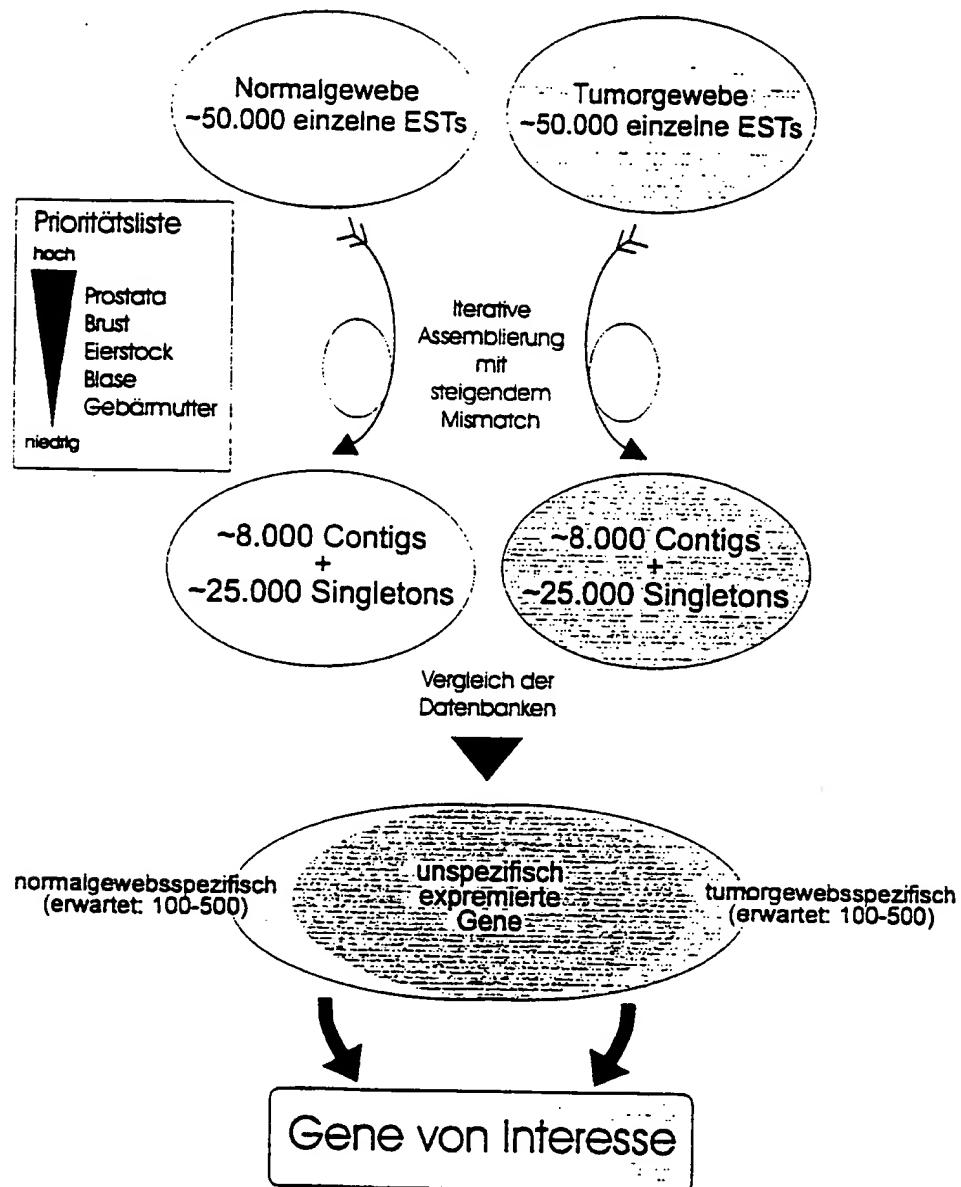


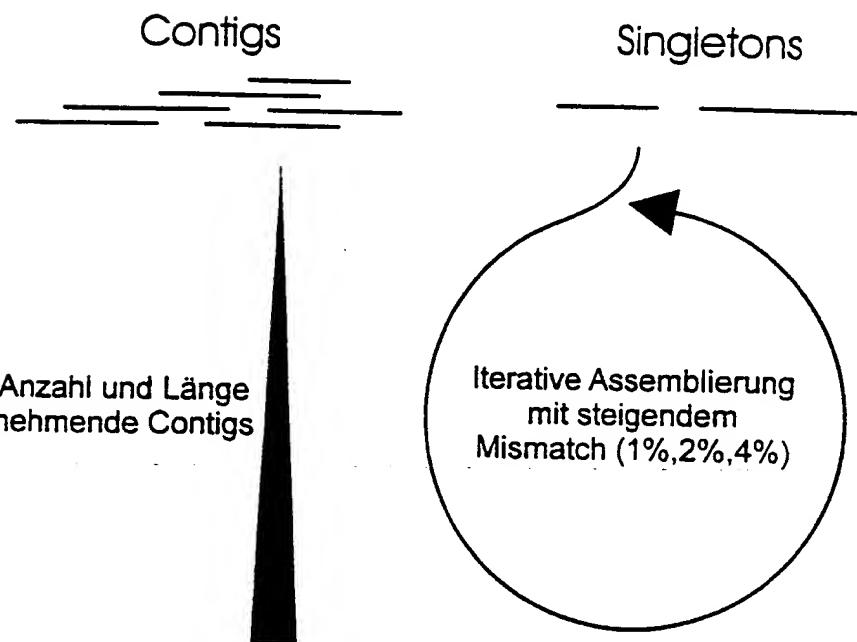
Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons

~30.000 Konsensus-sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

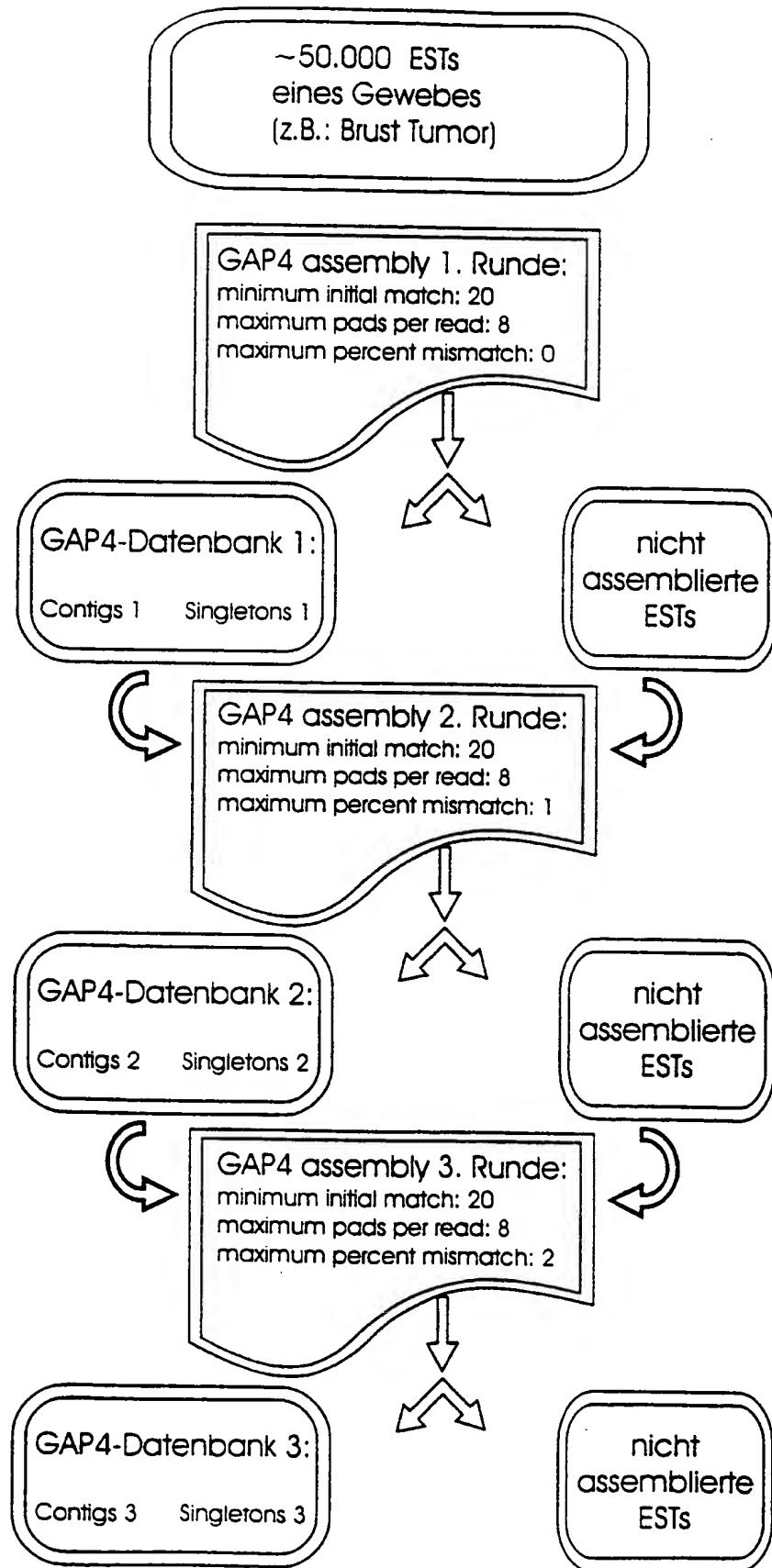


Fig. 2b1

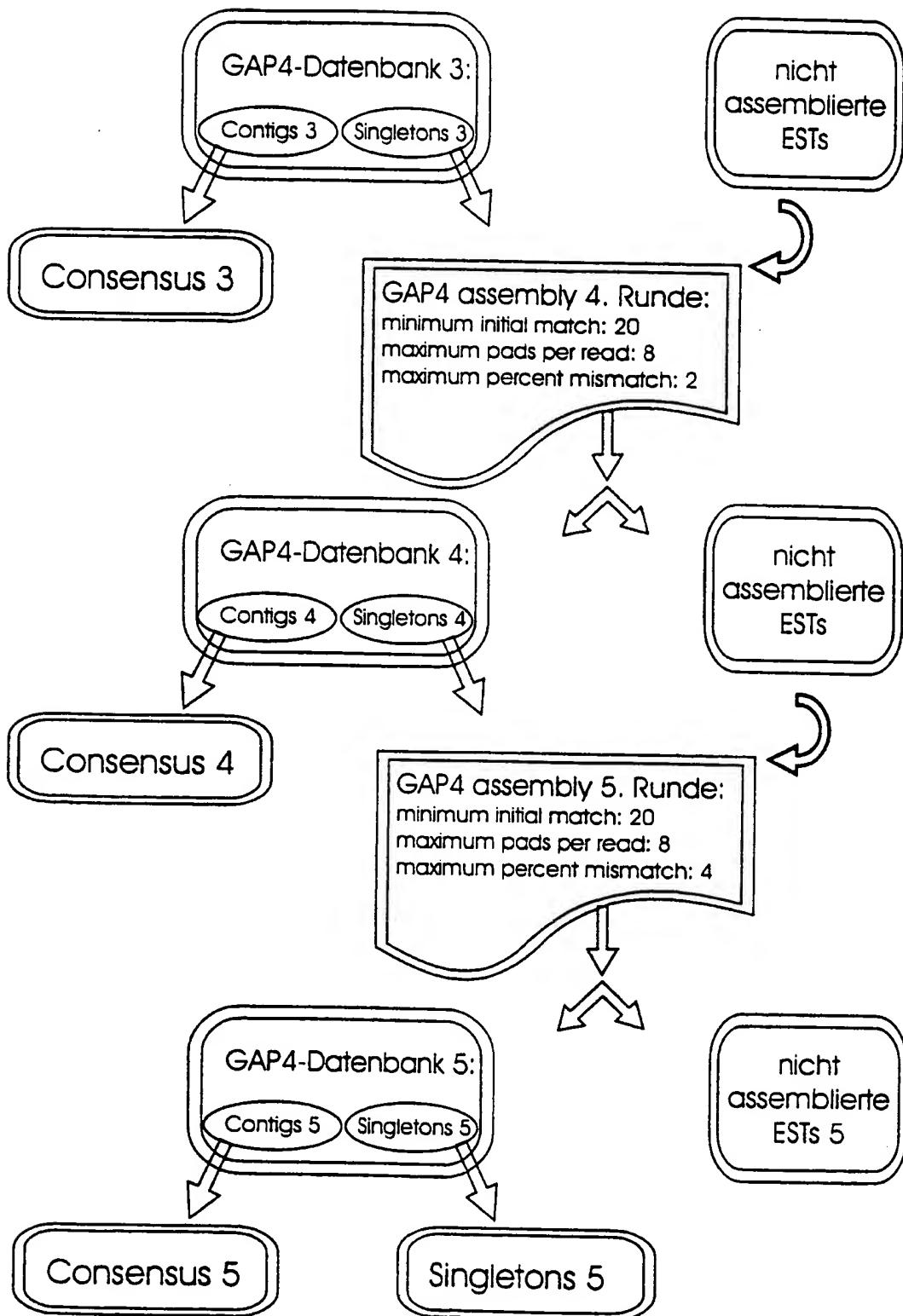


Fig. 2b2

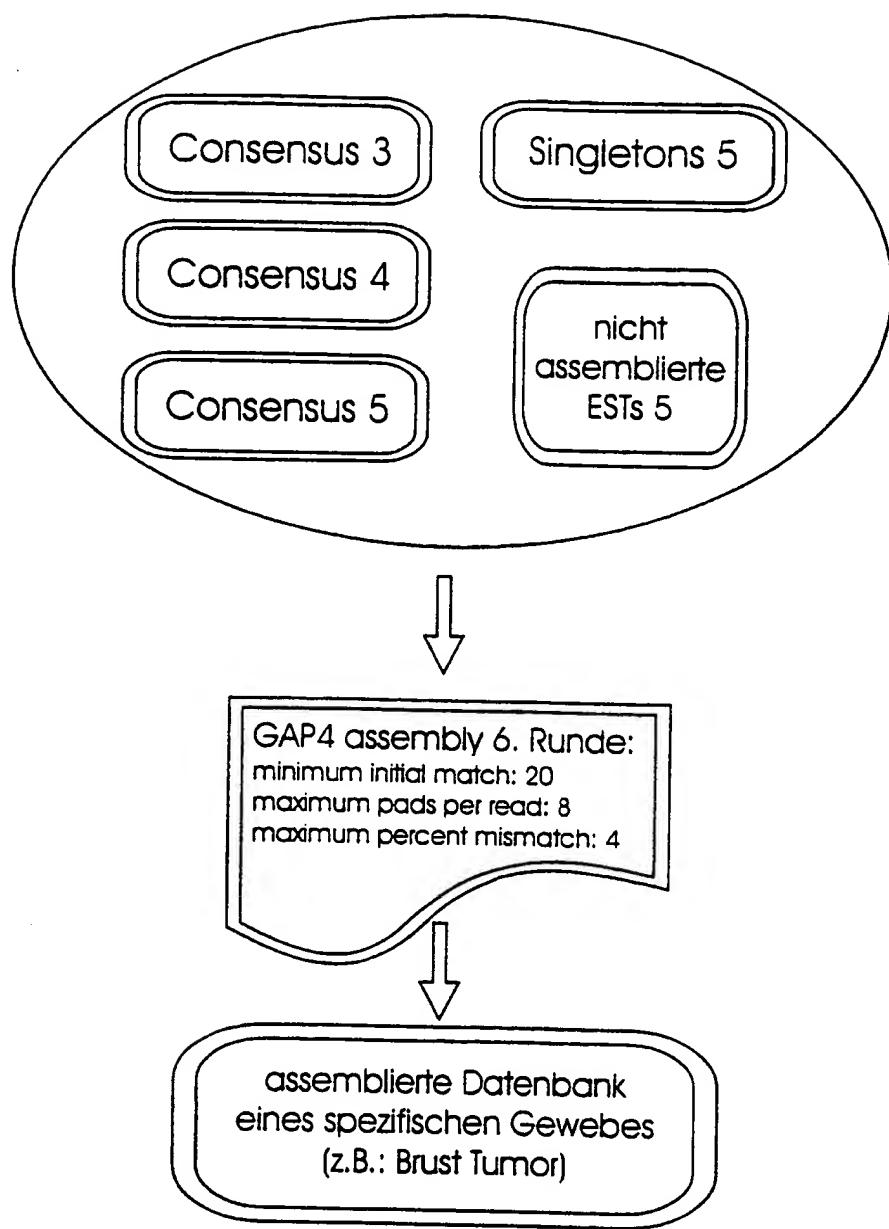


Fig. 2b3

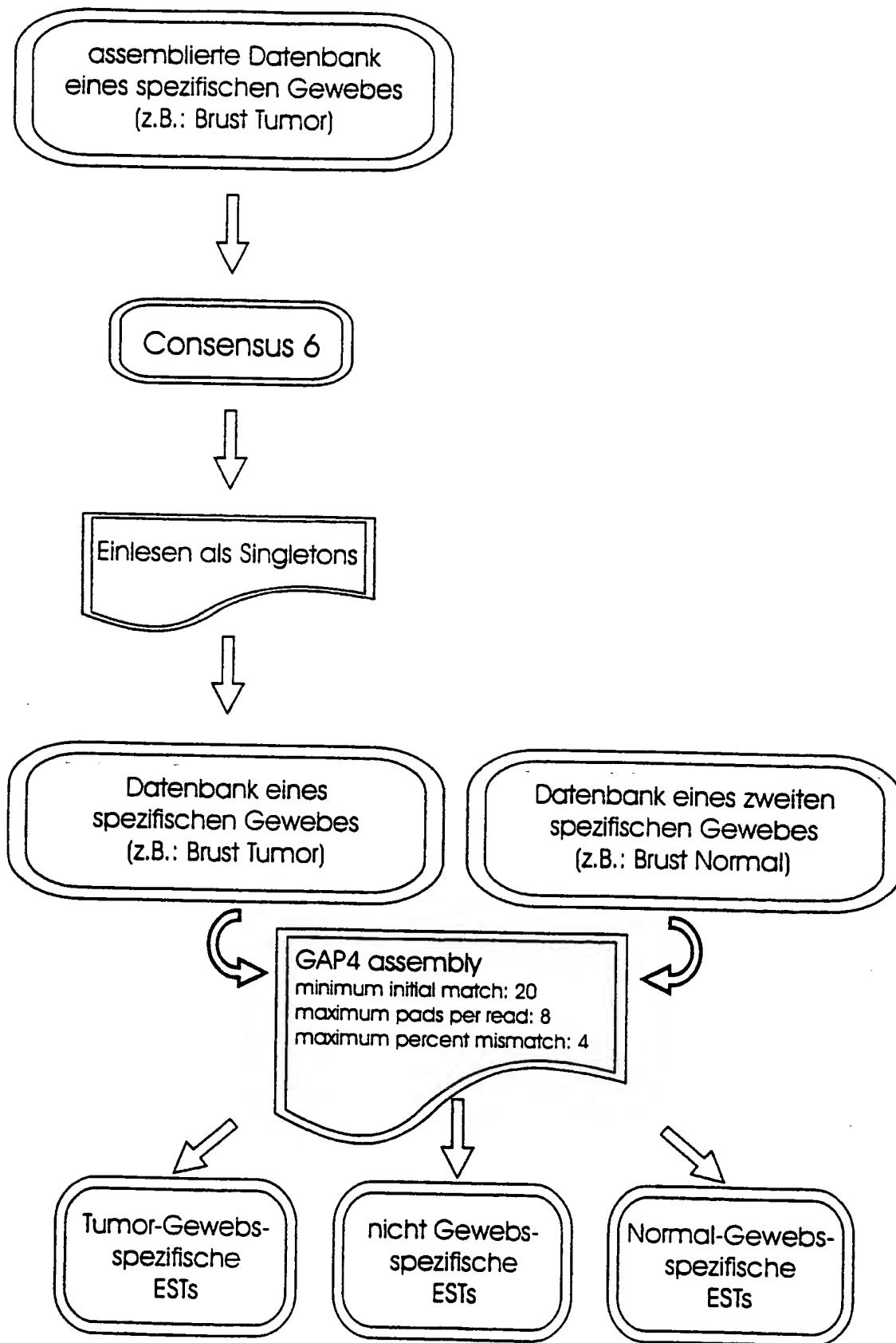


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

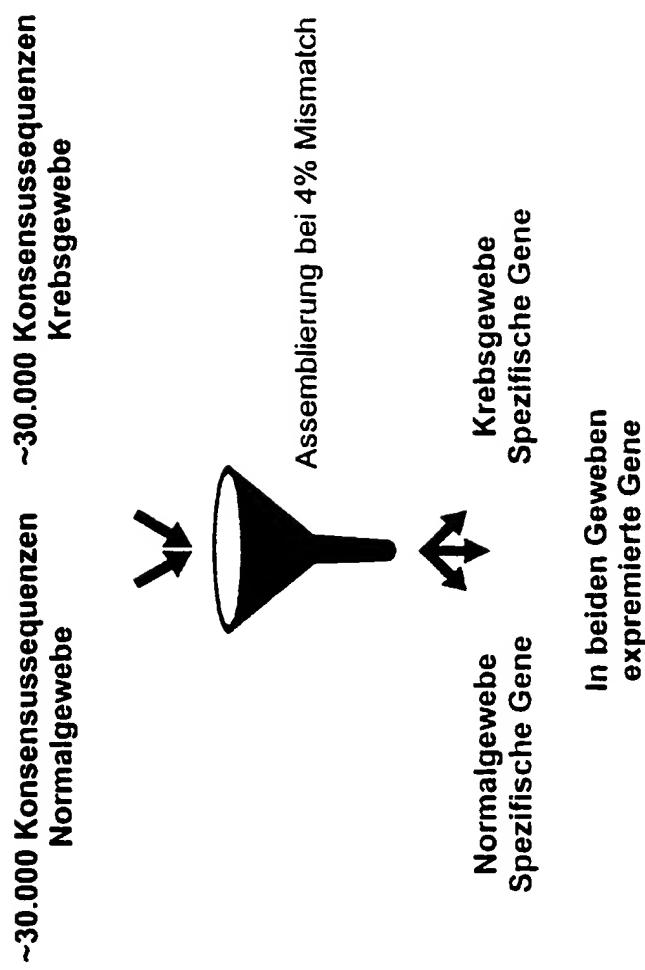


Fig. 3

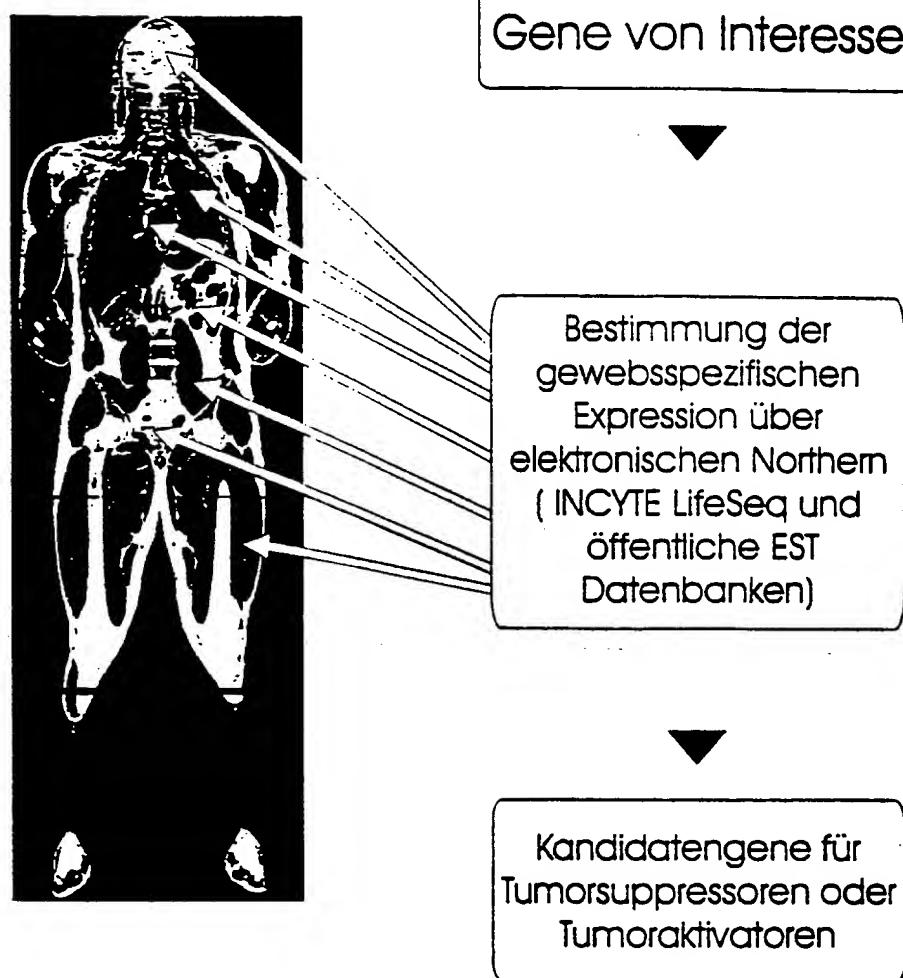


Fig. 4a

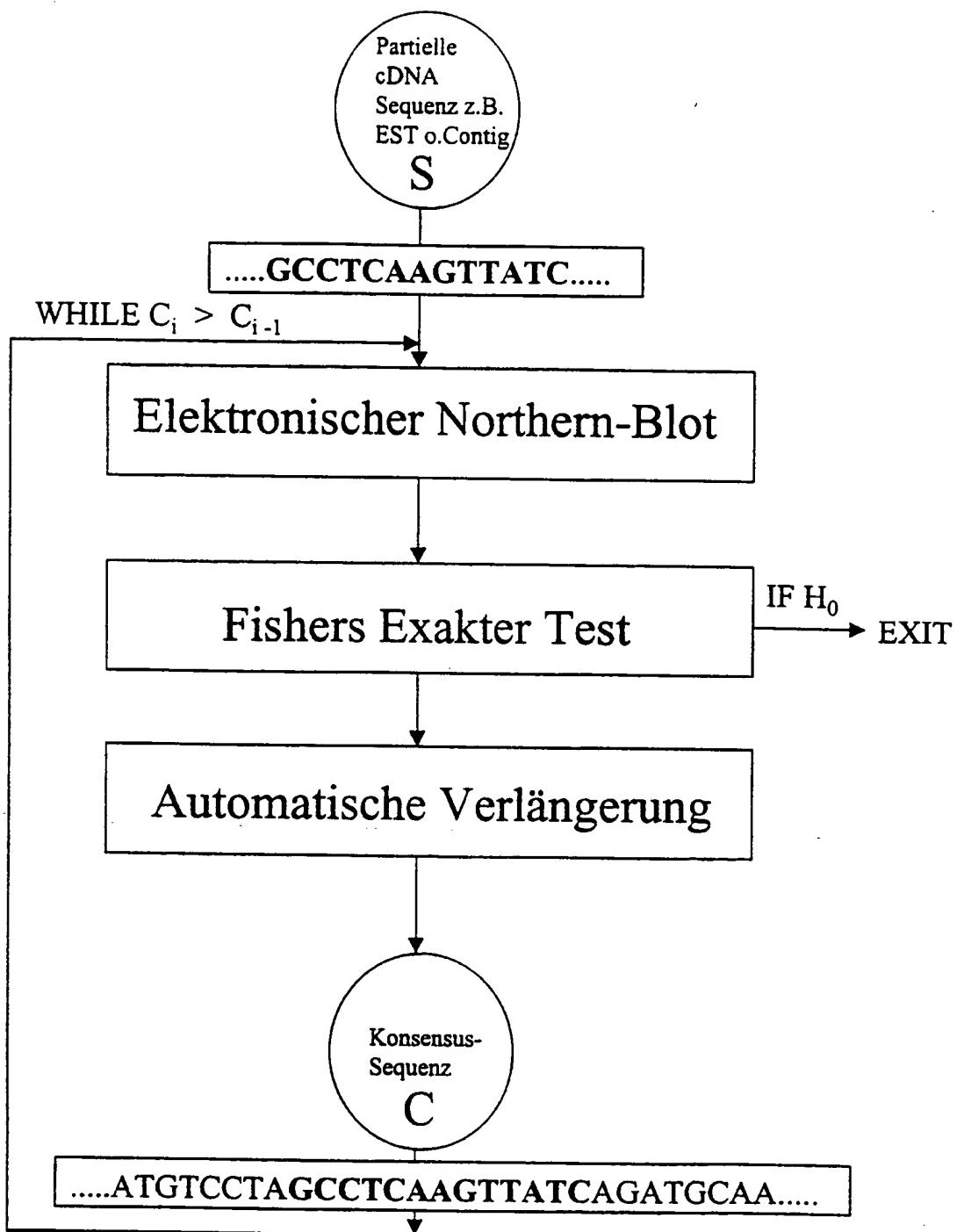


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5